

TATAAAGGAG CTGCTACAGA ATTATTCAAT TATGTTATTG ATGTAGTTAA AGCACGTGGT 840  
 GCAGAAGTTA TTTTAACGGA CACCTTTGCG TTAAACAAAC CTGCACAAGG TTTATTTGCC 900  
 5 AAATTTGGAT TTCATAAGG 919

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 561:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 518 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 561:

ATCATATAAA CCGGCTGCTT CTAAAAACGA AAATACTGTT ACTGGACCTA AAAATTTTAAA 60  
 20 CCCGTATTGT TTTAAATCTT TAGATAGTTG TGTTCAGTA TCATCAACTG TGATACGATC 120  
 AGAAGCATGT TCATACTGCA AATCTTTAGG CTTACCATT ACATATGACC ATAAAAATTT 180  
 ACTAAAACTA CCATATGCTT GTTCAATTTT TAAATACCCT TGAGCTTGAT TAACAATTGC 240  
 25 TTCTAATTTT TTACGATGAT GAACGATATT TGGAAAAGTC ATTAAGCGGT CGATATCTTG 300  
 AGCGGTCATT TGTGCTACCT TTTCTGGTTC GAAATCATAA AATGCTTCTT CATAGGCTTC 360  
 TTTCTTTTTT AAAATAGTTA ACCAAGATAG CCCAGCATGT TGTGATTCTA ATGCTAAAAG 420  
 30 TTTAAACAAT GCCTTGCAAT CATAGAGCGG TTGTCCCAT ACATGGATCm TGATAGTCTA 480  
 AGTAGACTGG GATCTTTAGT ACCAAATGCG CATTCAAT 518

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 562:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1539 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 562:

CTTATTTAAA AGTAAATCAA TCAATGTATT ATAATCCGAA TAGTCCGCAT AAAGCTGGTT 60  
 TGCaGGCAAA tCAATTACTA CAACAAGCAA AAACCCAAAT TAATGCAATG rTTaATTCAA 120  
 50 AAACAAATTA TGATGTTGTA TTCACTAGTG GTGCAcTGAA TCCAATAATC TTGCTTTAAA 180  
 AGGTATTGCC TATCGTAAAT TTGATACAGC GAAGGAAATA ATTACATCCG TGTTAGAGCA 240  
 TCCGTCCGTA TTAGAGGTTG TAAGATATTT GGAAGCACAC GAAGGATTTA AAGTTAAATA 300

CTGATTATAA AAATAATGAC TTGTCGAAAA AAATATCTAT ATTAAAAACAA ACAAACCATA 240  
 CTGAAATGAA TATTACGGTA GAGCAGTTGG TAAACTTTGG ACGATTCCCT TATTCTAAAG 300  
 5 GTCGTTTGAC GAAAGAGGAT CATGATATTG TCAATGATGC GCTAGATTG TTGCAACTAC 360  
 AAGATATCAG AAATCGTAAT ATTAAGTCAT TATCTGGTGG ACAACGTCAG CGTGCATACA 420  
 TTGCAATGAC AATAGCACAA GATACTGAAT ATATTTTGCT AGATGAACCA TTAAATAATT 480  
 10 TAGATATGAA GCATGCTGTT CAAATTATGC AAACGTTAAA AATGTTAGCG CATAAAATGA 540  
 ATAAAGCGAT TGTCATTGTG TTACATGATA TTAACCTTGC GTCCTGTTAT TCAGATCAGA 600  
 TTGTAGCATT GAAAAACGGA CAACTAGTTA AGTCAGATTT GAAAGATAAT GTCATTCAAA 660  
 15 GTAGTGTTTT AAGTGATTTA TATGACATGA ATATTCAAAT TGAACATATA AGAAATCAAA 720  
 GGATTTGTTT ATATTTTAAG GATTGATAAT TTGGAGaCAC TTTAAAGGGG TGATGCGCCA 780  
 20 ATTAAAGAAG GGTAAACGT AAAGCATTTA TTTAT 815

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 560:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 919 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 560:

GAAACGAATA ATAAATTTAC TGAGTTATTA GTTGAAAAAG CTAATAAACA TGATGATGTT 60  
 35 CTCGATAmGT TGATTAAATAT TTTAAAATAA GCGATACACA CTAATAAAAT TGTATTATTA 120  
 TTATGTTnAA TTGACnCCTC CTAAATTTGC AAAGATAGCA ATTTAGGAGG CGTGTTTATT 180  
 TTTATTGACG TCTAACTCTA AAAGATATAA ATTAGACATT TACAAATGAT GTAAATAACG 240  
 40 CAATTTCTAT CATCGCTGAT AACAATTCAT GGTTTAATAT GCAATGAGCA TATACTTTTT 300  
 AAATAGTATT ATTCAGTAGT TTTAACAATC AATTAATTGG TATATGATAC TTTTATTGGT 360  
 TATTTTTATC CCATAGTGTG ATAATTACTA TTTTCATTTC ATAATAAAGG TTTAAAGCAT 420  
 45 GTTAATAGTG TGTAAGATTA ACATGTACTG AAAACATGT TTAACATAAT GATATAAGGA 480  
 GTGACGTACA TGATCCGTCT AGGTAAAAATG TCAGATTTAG ATCAAATCTT AAATCTAGTA 540  
 GAAGAAGCAA AAGAATTAAT GAAAGAACAC GACAACGAGC AATGGGACGA TCAGTACCCA 600  
 50 CTTTTAGAAC ATTTTGAAGA AGATATTGCT AAAGATTATT TGTACGTATT AGAGGAAAAT 660  
 GACAAAATTT ATGGCTTTAT TGTGTGTCGAC CAAGACCAAG CAGAATGGTA yGnyGACATT 720



GAAGGTAAAA ATTTTAAAG TAACTTTCT TTATCCCAT GCTACGAGTT CAGATTCAGG 2580  
 AAATAGCCCT TTACTAGTAT TTATGTATAT TCTGTCTATG GCATGAATAA AATAATTATC 2640  
 5 TCTTGTATTT tTTTCTAAAC TAGATTTTTC AGCATTGATA ACTTCAAGAC TATCTATATC 2700  
 CATTGAATA ATACCAGGCT TAATATTTTC ATCATTATTA GGAAAATATT TATATGTAAC 2760  
 ACTTTTATCA TTAATTTCTT TTATTTTAA TATTAGCAAT CATTTCACC TCTAATTAAT 2820  
 10 TAAAATACTA TAATTATATT TTATTTCTGT AAGTTTATGT GCCTCTATAT AGTGTAAT 2880  
 ATACTTATTC ATTAGATAGT GTTCAAGAGC TTCATGTTTC TACATTATTA TATCCATTTT 2940  
 15 TTTAATATTT TTCCCTTCTC TTAAACGTTG CCAACTTTGA GCCATATAAA AGTCAGGATC 3000  
 AAATGTTTA AATCCACTTT CTAATAAATA CTTATTTTCA AATATATGTT CATAAACTCT 3060  
 TTGAATTAAT TTTTATTTA TATTAGTATT TTTAGCAATT TTAGAAATCT CTATCTGTTT 3120  
 20 ATCTCGATTT CTAAGTGAAT TATAATAAAT TTGAGCATGT CTGTTCTTT TGATACCGTA 3180  
 TTCATCACTT TTATTATTAA GTGCACCTGA TTCAATAAAA CAACCTTCTA CTTGATATTT 3240  
 ACCTTCACGC TCTTTAAAGA ACTGTCTCG CCAATTGCCG ACATGTGGCA CTGTGGTACT 3300  
 25 TCTACACCAA GGATGCATAG GTGGCGCATT CACACCTGGT ATCATATCTT TAACTTTAAA 3360  
 TATTTTCCG TTGAGTGAAT GACATAATT AGATGTTTCTA CTATCTATTT TGGCAACATA 3420  
 TTTATATTCG CCATCTTCCA CCAAGTTCyT TAAATATGT TAACTTTTGT GACTCtTCyT 3480  
 30 TTTCAACGAA TAATGAAAA AGCATATAAA AATAGCATCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG 3540  
 AAAGGATGCT TTAATACCaT GCTATTTTAT AATTTTcGGG AAATTcTTGC TTCTCGATAA 3600  
 35 AGTCTCTTAC TACAGAAAA GACTTATTAC GATATAACAT AAAATATTCT TCATTTTCTA 3660  
 TTTCAAGATAA TGAGAAATCT ATAACCTCTG CATCTTTTTT ATTAAAAGTT ACTGAACCTT 3720  
 TACCGTTACT TATATCATCT TCAGGTATAT ATTC 3754

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 559:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 815 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 45 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 559:

ATTTAACTAA AACTATAaAT AATCAAATGA TATTGGAAGA TATTaGCATA GATATCGAAA 60  
 AAGGTAAATT GACTTCTTTA ATTGGACCTA ATGGTGCGGG TAAGAGTACT TTACTTTCAG 120

55

	AAACTGGAAT ATCAATAAAT TCTTTTTTAG TCATCTTTTC ACTTTCATTA GAATCTATTA	780
	TAGTATAACT TGGTAATAAA GATGAATTAT TTTTCTTATT ATTATATTCA TTTGTGCATA	840
5	AAATATGACG CTTTGTGCTTA ACATTATTCA ATTTTCATCGT CATTTTACCA TTACTTATCA	900
	TTTCAAGCAT TTCTTTTTTA GCTTTTTTGTG GAAAGGATGC TATTTTGTA TTTATTTAAT	960
10	AATCTAATAC TTTTATCTC AGTTTCATCA AACGAATAAA CAGCAAAATC AGTCTGTATA	1020
	TCTACAACAA GATTTCCTGT TTCGCTCTCG AATTCATTTT CATAGTCAGT TACAAACCCCT	1080
	TCGTATTCTT CATTATTCAA AAGCGTGATA ATAACATCTT TACGATATGC ATCTnCAATT	1140
15	CTCAATACTT TTCACCTACT TATCAATATA AGGTACTATA TGaGcACCTG GTCTTCGAAT	1200
	AATGGCACTT cCCTTCTGG TTTCAATATA CACATTTTCG ATATGTATTT TTCCAATAAT	1260
	TTGATTAAAA TTAATAATCT CTTTCAAATC AAATCGCTCA TCACTTAATA TTAGATTGCC	1320
20	TGTTGACATT TTTTCTCTTA ACAATTCATT CAATAAATCT ATAGAAAGTA TTGTATAGCT	1380
	AGGCAATTTT TTATTATTTA AAATGGCTCT TTTTTTATTT TCATTATATA GGTGATGACC	1440
	TAACATATAT CTATTTTATT TTCCGCAATT TATTTCTATT TTTATTTTAC CATTTTTAAT	1500
25	CATTTCTTTC ATCTGGTTTT TAGCTTTTTtC CTGtAATTAT GCTTCTTTTA CTCTACTTG	1560
	ATATTTACct TCACGCTCTT TAAAGAACTT GTCCCGCCAA TTGCCAACAT GTGGCACTGT	1620
	GGTACTTCTA CACCAAGGAT GCATAGGTGG CGCATTCACTA CCTGGTATCA TATCTTTAAC	1680
30	TTTAAATATT TTTCCGTTAA GTGAATGACA TAATTTAGAT GTTTTACTAT CTATTTTGGC	1740
	AACATATTTA TATTCGCCAT CTTACCAAG TTCTTTTAAA TATGTTAAT TTTGTGCTTC	1800
35	TGCATTTTCA GTAAATAGTT AAAAAAGCGT ATAAAAATAG CACCACTTTC TCTTTAkCTG	1860
	TCTAAAAAGG ATGCTATTTA TCTTTTGAAT TTGAATTCTT TTTCGCTTTT TCTATACTTT	1920
	CAAATTCCTC AACTAATTCT TTAAAAGATT CACTCAATTC TTTTGCAGTT ACATTTCCAT	1980
40	CTAATTGTGA ATCTAACATA ATTAAAATCA TCTCACTTTA TATTTAATCa TATTTATACT	2040
	ATAAAGTTTT TTCAATAATT TTTCAATATG GCTATCATTA ATGATATTAA TATGCGTAAA	2100
	ATATTTAGCA CAAAATTTAC TCACTATTTT ACCATGAAAC CTATTTGACT TGGTAATAAA	2160
45	TTTTACTTGT CCCTTATTAG TAACGATTGT CATTGATTTT ATTGATGGAT GCTTAAAAAA	2220
	TGTAAATAAA TCATATTCTG AAAATCCTGA CTGTCCAGGA TGGTTATGTA ACATAACAAT	2280
50	TGAATTCGGT TTAAGTTTAA ATAATAATTC GGTGCTTGT TACCCTGGCA CAAAAGATAC	2340
	ACTATCTTGA TTGACATATA CTTTGTGAAA TTTACCATCT TTTAACAAAT AAGCTACTTC	2400
	ATTGCTATCA TTGTTTTCCA TGAGATATAC CTCCGTTTAT AGtCTGTCGA CTGATATTCC	2460

55

AAGGGAAAAAT AAGTGTTAAG TTTTAAATGA TAAAAAAGAT TGGAATGGAT CGTCTTGAAA 420  
 TGCTCCCTTC AAAGTTTTCA TTTTTTCAAT GTCGACTTCG AAGGGGGCAT TTTCATTAAA 480  
 5 TTGTTATAGC TTTTATATT TGTATAATGA ACATATAAGT TTAAGAAGGT GCGAGTGAAG 540  
 GAAATAAAAAA AGCTCAAATG TACCAAATTG TTAATCTTAA TAAATCTCTA CTTTATAAAG 600  
 ATTGAATGGA CATTCGAGCG TTAATCAGTC AGGAGGGACT TTCCCTCCTA CAATTTAATA 660  
 10 ATAATACTTG CTTCACTACT ATACAAGGAG TGAGTTGTTA TGTTCAAAGT GAATTATTCG 720  
 ATTTTAAGTT ATTATCCAGA ATATAATATC GCAGTAAGTT GGCAACGTTT AAGAGAAGGA 780  
 15 AAAACAATAA AAAACAAGAT TTAATACTGC TGCATCATGA GGCGCTTGAA CATTATTTGA 840  
 TGAATAAGTA TAATTTCAAC TATGATTATG CACATAAAAT TGTATCAAAA AAATACGATT 900  
 ATTCAATTTT TATAAAAAaAG AAGGTGGATT AAATGCTTAC ATTAATAAAAA TTGGAAAGAA 960  
 20 GATGaACAGG tTATAATATA TGraTATATa CCTGaAGATG aTATAAGTAC CGGGTAAAGG 1020  
 GTCCCGTACC TTTTAAATTA AAAAAGTTCC AGGGGGT 1057

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 558:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3754 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 558:

CTGTGCTGTA TTTACtTTAA TTTGACGACA TTTGAGAAGT ATTATGATGG nTGTA GTTAT 60  
 TTTATGAAAG TAATGTATTA ACAATCGAAT TACTAAGTCT ATATTGGTAG GAATATCGAT 120  
 GTTTAGTTTA AATGGAATGC ACTATTTAAG TTTTAAATAT GGAGATGTTT GTGACTTTTC 180  
 40 GATGATTAAG ATTTTTATAG GTGTGCATCA TTTCAAATAA ACTTTGTGTT TAAAATTGAG 240  
 CTTAGGAAAT CGATAGGTTT AGATGAGGAT ATTGTTGAAG TTATGTGTCT TGTATCCTTA 300  
 GTTGTATATAA AAGCGCAAAA AATAGCACCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG AAAGGATGCT 360  
 45 ATTATTGTAA AACAATAGTT TTAATTTnAT TTTCTGATaT ATCATATGT r ATTcTACCTG 420  
 TATCAATTTT TATCGAATTA TAACCATCAA AATTATCAAC TTTATCATCA AAGTCTATCA 480  
 50 CTTTCCCAAT TAATATTTTA TTATTAGTAA GCGTTAATTT GACTAATTTG CCTATGTATG 540  
 ACTGTAAATT CATATTTAAT CACTCCTTTT TAATATACGG AACTACATGA AAACCAGTTT 600  
 TAGAATAATG AACCTTACCT AATTTCGTTT CAATATATTT ACCATT CACA TAAGATTTAC 660

	AGAACAGCAA GGATTACTTA CTGAGGAATT AAAGAAGGAT ATTTTAAAAC AGAACAAATT	60
	ACAACGTGTT GAAGACCTAT ATAGGCCTTT TAAACAAAAG AAAAAGACAA GGGCAACTGA	120
5	GGCGAAACGT AAAGGGTTAG AGCCATTAGC GATATGGATG AAGGCACGTA AACATGAAGT	180
	CTCAATTGAA GAAAAAGCAC AACAAATTTAT AAATGAAGAA GTGCAATCGG TTGAAGATGC	240
	TATCAAAGGT GCACAAGATA TTATTGCGGA ACAAATTTCA GATAATCCTA AATATAGAAC	300
10	AAAAATTTTA AAAGATATGT ATCATCAAGG TGTGTAACT ACATCTAAAA AGAAAAATGC	360
	TGAAGATGAA AAAGGTATTT TTGAAATGTA CTATGCATAT AGTGAGCCAA TTAAACGCAT	420
15	TGCTAATCAT AGAGTTTTAG CTGTAAATCG TGGTGAAAAA GAGAAAGTAT TATCTGTAA	480
	GTTTGAATTC GATACGACAT CAGTAGAGGA TTTCATTGCA CGTCAAGAAA TCAATCATAA	540
	TAATGTAAAT CGCAGTTATA TTTTAGAGGC GATTAAAGAT AGCTTGAAAC GCTTAATTGT	600
20	CCCTTCGATA GAGCGTGAAA TCCATGCTGA TTAACTGAA AAAGCTGAAA ATCATGCAAT	660
	AGATGTTTTT AGTGAAAAC TAAGAAATCT ATTACTGCAA CCTCCAATGA AAGGTAAACA	720
	AATATTAGGC GTAGATCCAG CATTTAGAAC AGGTTGTAAA TTAGCAGTCA TTAACCCATT	780
25	CGGTACTTTT ATAGCAAAAG GTGTGATTTA TCCGCATCCA CCAGTTTCTA AAAAAGAGGC	840
	AGCAGAGAAG GATTTTGTAC AAATGGTTAA AGCGTATGAT GTGCAATTAA TTGCAATTGG	900
	CAATGGTACT GCAAGTCGTG AAACAGAACA ATTTGTTGCA GATTTAATTA AAAAGCATCA	960
30	GTTGCCAGTA CAATTCATCA TTGTCAATGA AGCGGGCGCT TCAGTATACT CAGCATCAGA	1020
	AATTGCTAGA GATGAATTC CTGATTTTCA AGTG	1054

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 557:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1057 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 557:

45	AAATGTCAGA ATACAAGAAA AAAATAATTG AATTAATTGA AAGTAATTTA ACAGGATATG	60
	AAATTTCTAA AAAAAGTGA GTTTCTCAAT ACGTACTTTC ACAATTAAGA CAGGGCAAAC	120
50	GCGAAGTAGA TAATCTAACC CTGAATACAA CAGAAAAATT ATATGAATAT GCCAATAAAG	180
	TTTTGTAATT TAACTAATGT ATAAATTAAT CAAGCTATGT TTATTTGATT TAACTATTAA	240
	TAAAAATCAT ATGGTGAATG GATATTATAA TAATTAAAT ACAAAAATAG TAGATTCCAA	300

TTACCTCTAG GCATGTCCTT TTCACGGTTT GCTTATGATA ACGTTATCGA CATTGTTAAA 120  
 TTGTCCTTTT TGAAAAAATA ATTCTGGTGA GATAGACGCT ACTTGGAATT CaTCaGTTTG 180  
 5 TAAtAACGCA GtATAAtTAC CaTTACTAAA tTGaGTTAAT CGTTCaTATA AAGTACTAAT 240  
 AGGATAATAA ATGTTATCCG TTAAGCGCGC CGTATAGTTC ACTTGATACG TTTCGCCCTC 300  
 10 AACAAATTGCT TGTGGACAC GTTTAATATT AGTCATCATA ACCTCAGAAG ATTCAACAAA 360  
 TGAAAAATGA TACTTTGATA CATAAGAAGT TTGATGTTCA TATGTTGAAT TTATGCTTTC 420  
 CGCTTTTTCA AAActATAAG CTGCTGCATA AATATCATCT TTAGCTAATG AATGTGTACA 480  
 15 CATAGCATGA TTAAATACT TTGCCGCTTC GTAACCTAAA TATAACGAGA CATATCTACC 540  
 TTGTCGtKgt GCGCTTGtGC AAAGTGTATC ACTTCTCCCA CATCAGCCAA CTTAGTAGCA 600  
 ACATACTTCT TTATAAATCC CTTTAATTGA ATATGGTATT GCTTATATTC ATTTTCAGTT 660  
 20 AAATAGTAGC GATAATTATA TTCTATTCTC ACAGTAATCA CCTACCTTCG ATAAAAATAA 720  
 TTCAACTTGT CGATAACCGT ATTCACTCAA AATAGATTCA GGATGATATT GCACACCAAA 780  
 AACCGGAAAT CTAATATGCT CAAATGCCAT AATAATCGCT TCATCGTTTT TTGCTGTAAT 840  
 25 CTTTAAGCAA TTTGGAAAAG TCGCTCCGTC AGCAATTAAT GAATGATAAC GCATTACATT 900  
 GAAATTTTGA GGCAGTCCTT GAAAAATACC TTCATTGGTA TGGCGTAACT GTGTAGTATG 960  
 TCCGTGTACA GGATGATAGC CGTGAATGAT ATTTCCACCA AAATAAGACA CGATACATTG 1020  
 30 AAATCCTAAA CATAACCTA GTATAGGTAC ACGCTGATAA AATTGTTCTA ACACTTCATT 1080  
 CAAGATAGGA TAATCATCCG GaTTACCCGG CCCAGGCGAA ATAACAATTG CTTTTGGCTT 1140  
 35 CATATTAATG ACGTCTTCTA TCAGCAGATT ATCAATACCA ACAACTTGAA CTGTTAGTTT 1200  
 CGTTTGAGTC TTAATATAGT CTATTAAATT ATATGTAAAT GaATCATTAT TATCTATGAC 1260  
 TAGAATCATT GTATACTCCG TTCTAAATGT GTTTTATTTT TATAATATGT ATTGGATGTA 1320  
 40 GCTAAAACTT TAAAAGCATT GTCATTATCC TGACCTTGAT TTAACTAAT ATATGGTATA 1380  
 TTCTATTCAT CGTACATAAA TGAATATCAG AGGTTCTAG CTGAAACCCT CTATAAAAAA 1440  
 CTAGGCCATT GAAATTTCAA ACATTCGTTG GG 1472  
 45

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 556:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1054 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

TTTTGCTTTA TGTTAAATGG ATTATTaTTA GAATAAAAAA TCGGTGATGA GCTAAAAAAG 60  
 TGTGTAGGAT GTTTTCCKAA CCAATTTTTT ACATCCGAAG ATATCGAACA ATATCTTCCT 120  
 5 ACTTCTACAT TATTAAAATC ACTACCAAAT CCAATATAAC TGTATTCACC AATGTGAGAA 180  
 TTCCTGATTT TACACCATCT ATCTATATAG TTATTGCCAT CAAATTTTGA GTTTGTAATA 240  
 TACGCCAAGC GATGAATCTT AACATTCGAT TCTTTAGAGG ACTGGTTTTT CAGCAAACCA 300  
 10 ATTATCTTTT CAATCGCTAT CCTCATCGTC ATTTCTCCA AGTATTTTGA TTGATAATAT 360  
 CTTTATAGCT TTGAATAATT TTAACCTACCT TTGTCGAAAC GTTAGTGTCT TTATAATCAA 420  
 TAGCATCAAT CATCGGTTTCG TTATTGTTTT GCATCTCTCT TGCTAGTTCA ACGGATTGGA 480  
 15 TTAGATTGTT ATAGGTAATA CCACCTACAA TAACCGTACC TTTATCTAGT ACTTCCGGTC 540  
 TTTCTGTGGA AGTTCGAATA AGGACACCAG GGAACCTCAA AATAGACGAC TCTTCTGACA 600  
 20 ATGTTCCACT ATCTGATAGC ACAACAAATG CATCTTTTTG CAATGCATTA TAATCAAAGA 660  
 AACCAAATGG CTTTAACTGT TTAACCTAATG GATCAAATTC AAATTTACTT TCTTCAATTT 720  
 TCTTCCAAC TCTTGGATGC GTTGAATAAA TCACAGGCAT TTTATACTTT TTGGCAATAT 780  
 25 CATTTATCGC ATTCATTAAT GATTTAAAT TCTTTTCATT ATCGATATTC TCTTCTCTAT 840  
 GCGCAGaTAC TAAAATGTAT TGTTGCGGTT CTAATCCTAG TTTATTTAAA ACGTCACTGT 900  
 GATTAATTTT ATCTCGATGC GCTTCTATCA CTTCTGTCAT CGGTGATCCT GTYACAAAGA 960  
 30 TATTCGCTTT ATTGAAGCCT TCATCTAATA AATAACGTCT GCTATGTTCC GTATAAGGTA 1020  
 GATTCACATC ACTGACATGG TCAACAATTT TACGATTGAT TTCTTCAGGT ACATTCTGAT 1080  
 35 CAAAGCATCT ATTACCCGCT TCCATGTGGA ACACAGGAAT CTTTAATCGT TTAGCAGATA 1140  
 CTGCTGCTAA ACAACTATTT GTATCACCAA GAATTAAAAG TGCATCTGGT TGTTCCGCGTA 1200  
 ATAAAACATC ATATGTCTTC GCAATAATAT TCCCCatCGT TTCTCCanGt TACTTCCAAC 1260  
 40 TGCCTCTAAG TAGTGGTCCG GTTGTCTTAA TTCCAAATCA TCAAAGAAAA TTTGATTCAA 1320  
 TGTATAATCA TAATTTTGAC CAGTGTGTAC TAATATCTGA TTAnAAATAT TGAT 1374

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 555:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1472 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 555:

GCGATCCATT GTTTGTTCGA AAAGAATAGC ACCCAAAATT TTATCTGGTG AGAATGAAGG 420  
 TGAAGTTACC ACACGTGTAC GCATATCGTG AACAAAGTTGG AACATTTGCT CTTCATTGCT 480  
 5 ATATTGATCT TCGTTTACAC CATATTCTTT AAGTGCTTTT GGTGTACTAC CACCACTTTG 540  
 GTCTAATGCG GCAATAAAGC CTTTTCCATT TTTCATTTTT TCTAATTGCT CTTTATTCAT 600  
 ACTTTCCACT CCTTAACTTT TCAATACACC TCCAGTATGA TAAAAATGAG AACATTTCTC 660  
 10 AAGTCATAAA CTTGAAAAG TGTATAAAAT GTGAAAATA ATTGTCAGTT TAATTAATAA 720  
 TATTATTTTA TTCTAGGTAT GACTAACGCC ATTAATGACA TAAAGAAAAT ATGTGTAATA 780  
 15 ATCCAACCGA TTAATTCTGT CACACTAAAT TGAAAAATTG GACGTTGCGC AATAAATACT 840  
 AAAAAGGGAT ACAATGCTAT AAATAAGAAA AATAAGGGA TATAACATAG ATAGTAAAGC 900  
 CTTTTAGAAG TATGAAA 917

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 553:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 432 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 25 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 553:

ACTCCCATAT CCACTGGCAA GATTTATAAT TTGTAATTCT AAAGTATAAT AGCCTATATT 60  
 TTTCAAAATC TCTTTTTTTA TGATTAACAT CCCTCTAAGT GCACCTAAAG GTTTTTATGT 120  
 35 AATGTATTAA ATATTTCAT TTATACATAT ACATCTTGTA TAAAAGAAA GAACTCCATA 180  
 TATACTCAAA AGGTATACTG AAGCTCTATA TATTATATAA AATTATTATA CTATTTTGAA 240  
 AAACATAAGT AAATCACTAA ACATGATTC TTTCATTTT AGAAAACTTT TAATACTATA 300  
 40 AAAGCACCCA CTCAGTCACT AGTTTGGGCA GTTATTGTAT GCCTATTGaa CTCAATGCgT 360  
 ATATTACAAT ACCTTTTTtCG CATATTCATA TAAGacTTTG CATCTTTAAG CTTAATTGCT 420  
 ATCTCTTTCT CT 432

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 554:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1374 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 50 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

TGCTGACATT ATTATAAATG CTTTACCAGA AACGCAAGAA ACGATTCaTT TaCTAAAGAA 3960  
 AAAACATTTT GAATTAATGA AAGATGAAGC ACTTTTATA AATATAGGAC GAGGTAGCAT 4020  
 5 AGTTAAAGAA GCGCTCTTAA TAGAAGTATT AAAAAGTAAA GTTATTTCGAC ATGCATATTT 4080  
 AGATGTGTTT GAAAATGAAC CTTTGAAACC TAATCATGAA TTATATGAAT TGGATAATGT 4140  
 AACTATAACA GCGCATATAA CTGGTAATGA TTATGAAGCA AAGTATGACT TATTAGATAT 4200  
 10 TTTTAAAAAC AATCTAGTTA ATTTTCTCAA TAAGAATGGT CTAATTGAGA ATGAAGTTGa 4260  
 TGCTAAAAAA GGCTATTAAA TGAATCATC ATGTAAATAT TGACACGCGC GCAATACTAC 4320  
 AGTTATATTT aTAGTAAGTt AATaATgATT ATATAAGAAa GATGGTgATA TAGATGAGTG 4380  
 15 TTGAAATAGA ATCAATTGAA CATGAAGTAG AAGAATCAAT TGCATCATTG CGACAAGcAG 4440  
 GCGTAAGAAT TACACCTCAA AGACAAGCAA TATTACGTTa TTTaATTTCT TCACATACTs 4500  
 20 ATCCAACAsC TGaTGaAATT TATCAAGCAC TTTACCTGa TTTTCCAAAT ATAAGTGTTG 4560  
 CGACAATATA TAATAACTTA AGAGTGTTTA AAGATATTGG AATTGTAAAA GAATTAACAT 4620  
 ATGGAGACTC ATCAAGTCGA TTCGACTTTa ATACACATAA TCATTATCAT ATTATATGTG 4680  
 25 AACAAATGTGG TAAGATTGTT GATTTTCAAT ATCCACAGTT AAATGAAATT GAAAGATTAG 4740  
 CTCAGCATAT GACTGACTTT GACGTAACAC ATCATCGAAT GGAAATTTAT GGAGTTTGTA 4800  
 AAGAATGCCA AGATAAATAA TTAACTTTG GTAGTATGAC AAATTAAAAA AGCGTTACTw 4860  
 30 ACTTCATATA AGTAAGCGTA ATATTTAAGA nGTTAACGA CATGaAAGTt GTTTAACTTT 4920  
 TTT 4923

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 552:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 917 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 552:

45 TCCGGCTTTA AAAACTTTTC CCAATTCCAG CTTGGGCCTT TGGCATTAAAT ATTAACCTCC 60  
 TGGTTCGGAT TAATTGGGAA CCTAACnTT TAGGCAATAA TTGGTTTAGG CAACTTCCAA 120  
 ATTGGTGGTT CAACCAACGT CTTTGGATAC CyTgCtCATT TAATTCTAAA ATGgTyrGAA 180  
 50 CGCATTTTGG TACCCAAAAt GgTGACGTTC GTTTCACGG TCTAATAAAT TGTCTAAGTT 240  
 GTCGATTGGT TTCATTAAATT GAaCACCATT TTGCTCTCA GCAAGACCTT TGTCTACTTT 300



	AAATTTTCATT AACCTCTTCT AAAAATCCAG GTTGAGGCAT TACCATTCCA AAGTTACCAA	2160
	CAATTGGTTC TACTAATACT GCGGCAATTT CATCACCCCA AAATTCAATT GCTTCTTTAT	2220
5	AGGCGTTAAT ATCATTGAAA GGTACAGTAA TGA CTTCACG TGC GACGCTT TCTGGAACAC	2280
	CAGCTGAGTC TGGAGAACCG AGCTGAGATG GGCCGCTACC TGCTGCAACC AATACTAAAT	2340
10	CAGAATGGCC ATGATAAGAT CCAGCAAATT TTATAATTTT ATTTCTTTTA GTATATGCAC	2400
	GTGCAACACG AATTGTTGTC ATGACTGCTT CTGTTCCAGA ATTTACAAAG CGAATTTTCT	2460
	CAAGAGATGG AATTGCATCA CGTAATTTTT TGCTGAATTC AATTTCTAAT TCAGTCGGTG	2520
15	TACCAAATAA AACACCTTTA GCAGCTTGTT CTTGAATTGC TTTAGTAATA TGAGGATGTG	2580
	CATGCCCCGT AATAATTGGA CCGTATGCTT GAAGGTAATC AATAAATTTA TTGCCATCGA	2640
	CATCATATAA ATATGCACCG TGTCTTCTT TCATAACAAC AGGTGCACCG CCTCCTACAG	2700
20	CTTTATAAGA ACGAGAAGGG GAATTGACAC CGCCTAGAAT ATATTCGTTT GAAAGTTGTT	2760
	GTAAACGTTT ACTTTCACTA AAATTCATTT ATATCAACCT CTTTAAATTT AATATTTTCA	2820
25	TCTAATATCG TATCATAAAA TTATTATAAT GAAGAAAAAG GTGATTATAT GTTGCAAAAA	2880
	GGAGAACAAT TTCCAATATT TAAATTAGAA AATCAAGACG GAACTGTCAT TACAAATGAT	2940
	ACATTAAAAG GTAAAAAGGC GATTATATAT TTTATCCTA GAGATAATAC ACCTACTTGT	3000
30	ACCACAGAAG CTTGTGACTT TAGAGACAAT TTAGAAATGT TCAATGATTT AGATGTTGCA	3060
	GTATATGGTA TAAGCGGTGA TTCAAAGAAA AAACACCAAA ATTTTATTGA GAAACACGGA	3120
	TTGAATTTTCG ATTTATTAGT AGATGAAGAT TTTAAATTAG CTAAAGAAAT GGC GTATATC	3180
35	AGTTAAAAAA ATCATTGTC AAAGAAAGTA TGGGCATTGT AAGAACGACT TTTATAATAG	3240
	ATGAACAAGG TAAAGTATTA GATGTTATCG AGAAGGTTAA GGTAAAAACA CAAATAGAAG	3300
	AACTTAAAAA CATTTTGGGG TGACATATAT GAAAGTTGTT GGGTTAAATC GTATGCGTGA	3360
40	AGTTGAAACT GAATTACAAC AACGCTTTTC AGATTTAGAT TTTAAATTTT ATAAAAAGC	3420
	ATCAGAAATA CCTGAGAGCG ACTTGGCTGA TTTAGATATA TTAGTTGGTT ATGATGGCGG	3480
45	TATCAATGAG GCATTTTAC GACGTTGCCC GAATTTAAAA TGGATTGCAT GGT TTGCAAC	3540
	GGGTGTAAAT ACATTGCCGT TAGATTATAT TGCAGATCAC GGCATACTTT TAACTAATGG	3600
	AAAAGGTGTT CAAGCTAAAC AATTATCTGA ATACATTTTA GCTTTCATTT TAGATGATTA	3660
50	TAAAAAGATG AAATATCAT ATGATAACCA ACGACAACAT ATATATGATT CGAAAAATAAC	3720
	TGGTAAACGC CTATCAGGAC AAACAGTTTT ATTTT TAGGT ACAGGTGCAA TTGCTACTAG	3780
55	AACTGCGAAG TTAGCAAAGG CTTTAAATAT GAATTTAATT GGTCTGAGCA AGTCAGGTCA	3840

ATGTGGACAA TAAATCTTTT TTCTGCGGAT TATCTAACTC ATAATCAACA TGTGTCACAT 360  
 TATAACGTGC TTTTITAGAA AGGCTAGCTA AAATTGCTC GTGAAAAGCA GTTAATGAAT 420  
 5 CTAAATCTAA TTTGATTGT AATAGGAAAT TGTATTAAAG TAAATATAAG TCGTTTTGAT 480  
 AACGCGACAA TTTGTTTAAT ACTTCATAAG CTTGTCTAGT CGTCTGAACT ACTTCTCTGA 540  
 AAAGTATTTT CTTTCTATTC TGTGGTGAA TATGTTTTT TGTAATAGGA CGTTCTTCGC 600  
 10 TATAGTAATC ATAAATTTTC TCTAACTTTT CGACACGTTG TTTTAAATTA TGACTATCTT 660  
 GTTTAATATT ATTAACTCC GTCGTATCAT TTAATACTAA TTTAAACCAC ATAAAAATAT 720  
 CTGAGGATAT ATTAAATGAA TTATAGTAAA TTTTGTTC AAATTTAGGT GGTAGAAACA 780  
 15 CAAAGTTAAC TAGAGATGAA CTTATGACAC CAATCATTAC AAGTACAAAC CTGTAAAAGG 840  
 CGGTAATATA GAAAGAACCG GTATGTTGTC CCATAATGAT TAATGCTGTT ACACTCGCCA 900  
 20 AAGTAGCAAC ATGTGCTAAA TTAAATTTAA ATAAATAGC AATAAGTACT ATGACGGTAA 960  
 CACCCATAAT GATAAAATTA TCACTAAAAA TTGTTACCAT TGTAACAGAT AGTATGGCAC 1020  
 CTATAATGTT ACCCAATGCT TGATCAGAAA CTGTTTTAAA TGAACGATAA ATACTAGGTT 1080  
 25 GCATTGCAC ACAGCACTGA CACCAGCTAA GGCTTTCAGA CCAACATCAT CCGGTAGTAA 1140  
 AGAAGCGATA GACATAGCTA AAATAATGGC TATACCAGTT TAAAAATCC GAGCTCCTAG 1200  
 TCTCAAAAAT AATGACGCCC CTTTTAAGTT TATTGAATAT CTAATATTCG TATTCATTAC 1260  
 30 TGTATACAC TTACTAGTTA CAAAATTCAA GCTTATTTAT AGTTGTTAAA ATAAATCATA 1320  
 CATAATACTG ATAGCGATGT AAAACTTTAG TCAGAGATTA AAATAGTATA AATTTGTAAA 1380  
 ATAAAAACTC ACATAGTGAC ATATCAAGTT AAACGTTAAT AGTTAACGAT ATAAAATGAA 1440  
 35 TCTACTATGT GAGCATTTGC TTTATTTTAA TTCAATTAAA AATATACTTC CTTAAAAGTT 1500  
 ATTTCAATTTG ACTAAAAGCA TAGTCTGCAG CTTTTAAAGT TTGTTTAATA TCTTCTTCTG 1560  
 40 TATGTTCACT TGTAAAGAAC CAAGCTTCAA ACTTAGAAGG TGCTAAATTG ATACCTTGAT 1620  
 TTAACATTAA TTTGAAAAAT TTACCGAACG CTTGCGCGTC AGAATGTTCA ACTTGATCAT 1680  
 AATGTGTGAC TTTTTCATCT GTAAAGTACA ATGTTAAAGA TCCATAAATA CGATTAATTG 1740  
 45 TAGCTGTGAT ATTATGTTTT TCGATTAATT TAAGTAAACC TTCTTCTAGT TGTGGCCTA 1800  
 AGCTGTCTAA TTTTTCATAA ACACCGTCTT GTTCTAGTAC TTCGAGTAAT GCAATACCTG 1860  
 CTTTCATAGA TAACGGGTTA CCAGCCATTG TACCAGCTTG ATATGCAGGT CCTAGAGGTG 1920  
 50 CTAATTGTTT CATAATATCT TGACGTCCAC CATAGCCTCC AATTGGTAAA CCACCGCCAA 1980  
 CAATTTTACC AAATGCAGTT AAATCAGGGA TAACACCTAA TAAATCTTGA GCGGCACCGT 2040

55

TTTGTTTTTAA TGCATCAATG AGTGCTGTTT GATTTTCAAC AATTGGACCT GGCAACTCTT 480  
 TTTTATAATC CATGTAAAAA CCTCTAAGCT CATCGCCATA TTTATCTAAG TCATATGCAT 540  
 5 AGAAAATTTG CGGACGCTTT AATACACCGA AGTCGAACAT GACAGATGAG TAGTCGGTAA 600  
 CTAACGCATC GCTGATTAAG TATAAATCCG AAATGTCTTC ATAACTGAA ACGTCTTTCA 660  
 10 CAAAATCATC ATGTTTCATCA ATACGTGTCA CAACTAAATA ATGCATGCGT AAKAAAAATAA 720  
 CATATTCATC ATCCAGCGCT TGACGCAAAG CTTCTATATC AAAGTTAACA TTAAATTGAT 780  
 ATGAACCTTC TCGAATCGCT TCATCGTCAC GCCAAGTTGG CGCGTACATA ATCACTTTTTT 840  
 15 TATCTAATGG AATATTTAAT CTTGTCTTAA TACCATTAAT ATATTCAAGTA TCATTGCGTT 900  
 TATGTGATAA TTTATCATTT CTTGGATAAC CTGTTTCCAA AATCTTATCT CGACTAACAT 960  
 GAAATGCATT TTGAAATATC GATGTCGAAT ATGGATTAGG TGACACTAGA TAATCCCACC 1020  
 20 GTTGGCTTTC TTTTTTAAAG CCATCTTGGT AATTTTGAGT ATTTGTTTCT AGCATTTTAA 1080  
 CGTTACTAAT ATCCAAACCA ATCTTTTTTA ATGGCGTGCC ATGCCATGTT TGTAAGTACG 1140  
 TCGTTCGCGG TGATTTATAT AACCAATCTG GTGTACGTGT GTTAATCATC CWCCTTTTCG 1200  
 25 CTCTTGGCAT CGCTAAAAAC CATTTTCATTG AAAACTTTGT AACATATGGT ACATTGTGCT 1260  
 GTTGGAAATAT GTGTTTCATAT CCTTTTTTCA CACCCCATAT TAATTGGGCA TCGCTATGTT 1320  
 CAGTTAAGTA TTCATATAAT GCTTTGGGGT TGTCGCTGTA TTGTTTACCA TGAAAGCTTT 1380  
 30 CAAAATAAAT TAGATTCTTG TTTGGCAATT TTGATAGTAA TTTAAAAGTC GTATATATAC 1440  
 TATGTTCTAT CAATTTTTTA ATTGTATTTT TAATCATGTC GTACCTCCGA CGTGTTTTTG 1500  
 35 TAATTATATT AATATGTATG AGC 1523

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 551:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40 (A) LENGTH: 4923 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 551:

CAGTAAGAGA TTTTCTTAAT TGAAAATAAT CTTACTGCTT TTTTAAATTT AATTTCGAGA 60  
 50 TTCAATATTA GTTTATCTCA TTGTGGCATT AATTGATAAA ATTGTTTTTAA TGTATATAAT 120  
 CAAAGTCCTC TTCAACAATT TCAATGTCTG CATCAGATCT ATGATATGTG AAAAAGCTAA 180  
 TTCTTATGCG GTCTAAATGC TCTAAATGGT GTCGATACTC TTCGATGGCT GCAACAATTT 240  
 55

TCATTAGACA TCCGTTTAAT AACTACTATG AAAAATTAGC GAATATTAAAC ATCCCAATTG 720  
 CGAATGCTGG TGATGGTAGT GGACAACATC CAACACAAAG TTTACTTGAT TTAATGACGA 780  
 5 TATATGAAGA ATATGGATAT TTTGAAGGCT TGAATGTATT GATTGTGGA GAcATTaAAA 840  
 ATTACAGTGT CGCACTAGTA ATTACCAAG T 871

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 549:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 549:

20 TCAATCTAAT ATATACTTCA TGACTTCCCG CCAAAGGCGC AATCGTAGGA TTAGTCTGTT 60  
 TATCGATAAG ATCTATTAAT ATTGTTTCTA CTTTAGATTC ACCTATTCCC GCAAATCTTA 120  
 ATAGTTCAGA ATGTATAATT CGATTATGGT TTATAAAATG TGACAACAAT TCATTTTTCA 180  
 25 CCATTGGTTG CATTTCCTTC GGTGGACCTG GTAATAAAAT AATTGTGTTG TTTTCAAAT 240  
 TCACCATCAT TCCTGGAGCC ATGCCATGAT GATTGTGTTAA TACAGTTGAA CCTTCAATTA 300  
 CTAAAGCCTG TTGTCTATTA TTAGGTGTCA TTTCTGTCC TTGTTCTCA aAAWAGCTTT 360  
 30 CAATATATTG AAAGAAGGCT CATCAATAAC TAAATCTnTA 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 550:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1523 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 550:

ATACCTCCAG CTAGAATACC AGCGTATTTT ATAAAATACT TCCTCCATTC AACTATATCT 60  
 45 ATATTTAATT ATTTAAATTT CGTTGCATTT TCCAATTGAA AACTCATTTT AAAATCAAAA 120  
 CTCTAAATGT CTGTGTATTA CTTAAAATTA TACATATTTT GCTTATATTT TAGCATATTT 180  
 TGTTTTAAACC TATATTACAT TATATCAGAC GTTTTCATAC ACAAATAATA ACATACAAGC 240  
 50 AAACATTTTCG TTTATTATTT ATATCACTTA ACTAATTAAT TTATAATTTT TTATTGTTTT 300  
 TAAGTTATCA CTTAAAAATC GTTTGGCaAA TTCGTTGTGA CGCTGTCCA TCTTCTAATG 360

(A) LENGTH: 487 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 547:

10	TAAGCTATCT GAGATAATTG CTGATAACAT TAAACCGGCA ATTTTCAGGTT TAATTTCAAA	60
	GCCACGTTCT CTAAACATTT TGTATAAAAT TGTAGCTGTA CAACCAACTG GTTCAGCACG	120
	ATAACATAAA GGACCAGCAG TTTCGAAATT TGCAATTCTG TGATGATCAA TTACATGCTT	180
15	AATTGTAGCA GAGGCAATCG TATCAGAACT TTGTTGGAAT TCGTTATGAT CAACTAAGAT	240
	AACATCTTGA CCATCTAAAT CATCTGTTAA TAATTCGGGA GCAGGTACAT TAAATGTATC	300
	TAACGCGAAT TGAGTTTCTG CACTCACATC ACCTAAACGG TATGCTTTGG CTCCTGAATT	360
20	ACCTCGAAGT TGTTCaAATT CTGCCaTAAT AATCGCAGAT GAAATTGCAT CAGTGKCTGG	420
	aTTCTTATGT CCGAAAATAT ATGTTTTAGC CAnTGTCAAA TATCTCCCTT GTAAATTGTA	480
25	TTCTTTA	487

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 548:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30

(A) LENGTH: 871 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 548:

	TTGGTGGTGC AGCAGTTATA GCAATTGTTT TAGCATTCAAT TGGTAAGTTC ACTGCATTAA	60
40	TTTCTTCTAT ACCTACmCCA GTTATGGGAG GAGTATCTAT ATTACTTTTC GGTATTATTG	120
	CAGCAAGTGG CTTAAGAATG TTAGTTGAAA GCAAAGTAGA TTTTGCGAAC AATCGAAATT	180
	TAGTTATAGC TTCTGTAATT TTAGTTGTAG GTATCGGTAA TTTAGTATTT AACTTAAAAG	240
45	AAATTGGTAT CAACCTTCAA ATTGAGGGGA TGGCATTAGC TGCACTTTCA GGAATTATTT	300
	TGAACTTAAT CTTACCTAAA GAGAAAAAAC AAAACAATTA AGATTTACAA ATTAAGGAGG	360
	GCGCTTTTAT GAATCATTTA TTATCAATGG AACATTTATC TACAGATCAA ATATACAAAC	420
50	TTATCCAAAA GGCAAGTCAA TTAAATCTG GTGAACGTCA ACTACCAAAC TTTGAAGGGA	480
	AaTATGTCGC AAATTTATTTC TTTGAAATT CTACTCGrAC AAAATGTAGT TTTGAAATGG	540
55	CAGAACTTAA GCTAGGGTTA AAAACGATTA GCTTTGAAAC ATCAACATCA TCTGTTTCAA	600

	GATTGATTTA GATCAAGTCC AACAAAGATTT GAAAAATATC GATAAAGAAA TCGCAGAAAT	2760
	TGAGCAAGAA ATCAATGCAT ACCTGAAAGA ACTTGGGGTG TTGAAAGATG AGTAATACAC	2820
5	AAAAGAAAAA TGTGCCAGAA TTGAGGTTCC CAGGGTTTGA AGGCGAATGG GAAGAGAAGC	2880
	AGTTAGGGGA TCTTACAGAT AGAGTAATTA GGAAAAATAA AAACCTTAGAA TCGAAAAAGC	2940
	CTTTAACAAT ATCCGGACAG TTAGGTTTAA TTGATCAAAC AGAATATTTT AGTAAATCAG	3000
10	TTTCGTCGAA AAATCTAGAA AATTATACAC TAATAAGAA TGGAGAATTC GCGTATAACA	3060
	AAAGTTATTC TAATGGATAC CCATTAGGGG CTATTAAAAG ATTAAC TAGA TATGATAGTG	3120
15	GTGTATTGTC CTCTTTGTAT ATTTGTTTTT CTATTAAAAG TGAAATGTCT AAAGACTTCA	3180
	TGGAAGCATA TTTTGATTCTG ACACACTGGT ATAGAGAAGT TTCTGGAATT GCAGTTGAGG	3240
	GTGCAAGAAA TCACGGATTA TTAAATGTTT CTGTGAATGA TTTTTTTACT ATTCTAATTA	3300
20	AATATCCAAG TTTAGAAGAA CAGCAAAAAA TAGGCAAGTT CTTCAGCAAA CTCGACCGAC	3360
	AAATTGAATT AGAAGAACAA AAGCTTGAAT TACTTCAACA ACAGAAAAAA GGCTATATGC	3420
	AGAAAATTTT CTCACAGGAA CTGCGATTCA AAGATGAGAA TGGTGAAGAT TATCCAGATT	3480
25	GGGAAAATAG CAAAATAGAA AAATATTTAA AAGAGAGAAA CGAACGTTCT GACAAAGGGC	3540
	AAATGCTTTC AGTAACTATA AATAGTGGCA TTATAAAATT TAGTGAATTG GATAGAAAAG	3600
	ATAATTCAAG TAAAGATAAA AGTAATTATA AAGTAGTTAG GAAAAATGAT ATTGCATATA	3660
30	ATTCTATGAG AATGTGGCAA GGGGCTAGTG GTAAATCAAA TTATAATGGG ATTGTTAGCC	3720
	CTGCATATAC TGTGCTTTAT CCAACACAAA ATACTAGCTC ATTATTTATT GGATATAAGT	3780
35	TTAAAACACA TAGAATGATT CATAAATTTA AAATTAATTC ACAAGGATTA ACATCAGATA	3840
	CATGGAACTT AAAATATAAA CAATTAAAA ATATAAATAT AGATATACCT GTATTGGAGG	3900
	AACAAGAAAA GATAGGTGAT TTCTTTAAAA AAATGGATAT ATTGATAAGT AAACAGAAAA	3960
40	TGAAAATTGA AATATTAGAA AAAGAGAAAC AATCCTTTTT ACAAAAATG TTCTTATAAC	4020
	TTTGATAAAT ACATAGATTG CATAAGAATA AAATTTGTAT AATTTAACAT AAAAGTTGTA	4080
	AAAGTAAAGT GAATTAAAAA CGAACATTAA ATTTAGGCAC TGTGAAAGCG CAGTGTCTTT	4140
45	TTTGTGTCGA AATTGTGTAC AGAATAAGTA GTTAAATAAA GATTAAGTTG AGATAAAGTG	4200
	TTATTCGTAA ATAAAAGAGA GTAGATCGAT AGGAATTGAA TGATATTAGT TAACTATTTA	4260
50	TTAAATTAAT TAATAATGAT TAATTTTTAG TTAAAGTAAG TTTAATGTGA AGCACGACCA	4320
	TTGCTCATT TAATGA	4336

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 547:

55

	ATAACCTTGA TTAAAGATCT AAATTAAAAT TTAAATATAT GGGGGAAGTC ATAGAAAGCA	960
	AACAAATTAA AGATATTGAA GTTAACTTAA AGTAAATCAT TACGAATAAT TAAAAGTAAT	1020
5	TGAAGCGGCT TAACGGTGAA ATGTAAATTG GTGCGCATAG CTTATACAAA AAGGATGCAT	1080
	CAATCGATAT CGTCGTTAAG CCGTTTTGGT TTGTGTGTCA TGAATCCTAT CCCAATCTCC	1140
10	ATAAAGGTAA AATTTCCACC ACCAACATCA AAATTCTCCA CATCGCAACA TAACCAAATG	1200
	TTATAATAAA TCTATTACAC AAAGAGATAA ATTACTTATT CAAAGGCGGA GGAATCACAT	1260
	GTCTATTACT GAAAAACAAC GTCAGCAACA AGCTGAATTA CATAAAAAAT TATGGTCGAT	1320
15	TGCGAATGAT TTAAGAGGGA ATATGGATGC GAGTGAATTC CGTAATTACA TTTTAGGCTT	1380
	GATTTTCTAT CGCTTCTTAT CTGAAAAAGC GGAACAAGAA TATGCAGATG CCTTGTGAGG	1440
	TGAAGACATC ACGTATCAAG AAGCATGGGC AGACGAAGAA TACCGTGAAG ACTTAAAAGC	1500
20	AGAATTAATT GACCAAGTCG GTTACTTCAT TGAGCCAGAA GATTTATTCA GTGCGATGAT	1560
	TCGTGAAATT GAAACGCAAG ATTTTCGATAT CGAACACCTG GCGACGGCAA TTCGTAAAGT	1620
25	TGAAACATCA ACATTAGGTG AAGAAAGTGA AAATGACTTT ATCGGTCTGT TCAGCGATAT	1680
	GGATTTGAGT TCAACGCGAC TAGGTAACAA TGTCAAAGAA CGTACTGCTT TAATCTCTAA	1740
	AGTCATGGTT AATCTTGACG ACTTACCATT CGTTCACAGT GACATGGAAA TTGATATGTT	1800
30	AGGTGATGCA TATGAATTCC TAATTGGGCG CTTTGCGGCG ACAGCGGGTA AAAAAGCAGG	1860
	CGAGTTCTAT ACACCACAAC AAGTATCTAA GATACTGGCG AAGATTGTCA CAGACGGTAA	1920
	AGATAAATTA CGTCACGTGT ATGACCCAAC ATGTGGTTCA GGTTCACGTG TGTTACGTGT	1980
35	TGGTAAAGAA ACACAAGTGT ATCGTTATTT CGGTCAAGAA CGTAACAATA CTACATACAA	2040
	CTTAGCACGC ATGAATATGT TATTACATGA TGTGCGTTAT GAGAACTTCG ATATCCGTAA	2100
	TGATGACACA TTGGAAAACC CAGCCTTTTT AGGCAATACA TTTGATGCGG TTATTGCGAA	2160
40	CCCACCGTAT AGTGCGAAAT GGA CTGCAGA TTCAAAGTTT GAAAATGACG AACGATTCAG	2220
	TGGTTACGGC AAACCTGCGC CTAAGTCTAA AGCAGACTTT GCCTTTATTC AACACATGGT	2280
45	ACATTACCTA GACGATGAAG GTACCATGGC CGTTGTACTC CCACATGGTG TATTATTCCG	2340
	AGGTGCTGCA GAAGGTGTCA TTCGTCGTTA TTAAATTGAA GAAAAGAACT ACTTAGAAGC	2400
	TGTGATTGGT TTGCCAGCGA ATATTTTCTA TGGGACAAGT ATTCCAACAT GTATTTTAGT	2460
50	ATTTAAAAAA TGTCGCCAAC AAGACGACAA CGTACTATTT ATCGATGCAT CCAATGATTT	2520
	TGAAAAAGGA AAAAATCAAA ATCATTTAAG CGATGCCCAA GTCGAACGTA TTATAGACAC	2580
55	ATATAAGCGT AAGGAAACAA TTGATAAATA TAGCTACAGC GCGACACTAC AAGAGATTGC	2640

GATCAATATA GCGGTAAAAA GCTAGGTACG ATTAAATATG ATGACTACGG TATTATTGCT 420  
 AAATGGTTTA CATGGGGCAT TCCGCTTCAC GAAGGTCATT TATTCGGCAT TTAAATAAA 480  
 5 ATCATTAAATT TATTTGTATG TATCGCTTTA TTAGTAGCCA TTGGCATGGG GTTTGTCTCT 540  
 TGGATAAAGC GTACAAAAAA TACTGCAGTA AAAGTACCAC ATCGCGTAAA AAAACCAGCA 600  
 TCTATATCAC TCATAATATG TTTAATTGTA TTAGGATTAT TAATGCCATT ATTTGGATTA 660  
 10 TCACTTATCC TTGTATTTAT AATTGAATTA ATATTATATA TTAAAGATCG TCGTGCTAAA 720  
 CAATAATGCA CTAAAGTTT TGAAGTACG AAATTTACAA AATGgATTCT CGTCTCTCTA 780  
 15 ATTACTTAAA ACGGGgTtCy AaTAATAAAT CgTACTGaTG GgAAAGTTTT TACTTTTTAt 840  
 CTGtCCGAtT TTTTnGAAwT TGAAGATAAA AAAGCATCTA AAACGC 886

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 546:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4336 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 546:

GGCATTGTG TCCTTATATA AGGAACTGTG tTAAATACAT TACTGTTGTT AAGTTGTTTT 60  
 30 TGTAATTCAA AGAGCAGAAC AGAGTAACAT CATCAGTTGT AGTAAACGAT AATCCGGTAA 120  
 AACAACTAAA TGAAATAATG AAAGTCATTT AACCTGAACA TTAAAATATA TTTGTTTTTC 180  
 35 ATTAAGAATA ATTCAAGTAT ATTTAAATCG AGGTAAATTA TCGTATGAAA CGATGCACGT 240  
 TATAATAAAA ATGTATGATT CAAATTACGT AATGAAAACA ATCCAATATA TTAAGATTGG 300  
 AGCAAATAAA TATGAAATTT ACAGCATTAG CAAAAGCGAC ATTAGCTTTA GGAATTTTAA 360  
 40 CAACAGGAAC TTTAACAACA GAAGTTCATT CAGGTCATGC AAAACAAAAT CAAAAGTCAG 420  
 TAAATAAACA TGACAAGGAA GCATTATACC GATACTACAC TGGAAAGACT ATGGAAATGA 480  
 AAAATATTAG TGCTTTGAAA CATGGTAAAA ACAACTTACG TTTTAAGTTT AGAGGTATTA 540  
 45 AGATTCAAGT TTTACTGCCT GGAAATGATA AAAGTAAAT TCAACAGCGT AGTTATGAGG 600  
 GGTTAGATGT TTTCTTTGTT CAAGAAAAAA GAGATAAGCA CGATATATTT TACTACTGTTG 660  
 50 GTGGTGTAAT ACAGAATAAT AAAACATCTG GAGTTGTCAG TGCACCAATA TTAAATATTT 720  
 CAAAAGAAAA GGGTGAAGAT GCTTTTGTGA AAGGTTACCC TTATTACATT AAAAAAGAAA 780  
 AAATAACACT AAAAGAACTG GATTATAAGT TGAGAAAGCA TCTAATTGAA AAATACGGAC 840



CGCCTTCAAC TAAAGTGACA ACACCTCCAT CAACAAACAC GCCACAACCA ATGCAATCTA 4260  
 CTAAATCAGA CACACCACAA TCGCCAACCA CAAAACAAGT ACCAACAGAA ATAAATCCTA 4320  
 5 AATTTAAAGA TTTAAGAGCG TATTATACGA AACCAAGTTT AGAATTTAAA AATGAGATTG 4380  
 GTATTATTTT AAAAAAATGG ACGACAATAA GATTTATGAA TGTGTGCCCA GATTATTTCA 4440  
 TATATAAAAT TGCTTTAGTT GGTAAAGATG ATAAAAAATA TGGTGAAGGA GTACATAGGA 4500  
 10 ATGTCGATGT ATTTGTGCGT TTAGAAGAAA ATAATTACAA TCTGGAAAAA TATTCTGTCTG 4560  
 GTGGTATCAC AAAGAGTAAT AGTAAAAAAG TTGATCACAA AGCAGGAGTA AGAATTACTA 4620  
 AGGAAGATAA TAAAGGTACA ATCTCTCATG ATGTTTCAGA ATTCAAGATT ACTAAAGAAC 4680  
 15 AGATTTCCCTT GAAAGAAGTT GATTTTAAAT TGAGAAAACA ACTTATTGAA AAAAATAATC 4740  
 TGTACGGTAA CGTTGGTTCA GGTAAAATTG TTATTAAAT GAAAAACGGT GGAAAGTACA 4800  
 CGTTTGAATT GCACAAAAAA TTACAAGAAA ATCGCATGGC AGATGTCATA GATGGCACTA 4860  
 20 ATATTGATAA CATTGAAGTG AATATAAAAT AATCATGACA TTCTCTAAAT AGAAGCTGTC 4920  
 ATCGGAAAAA CAAGAAGTTA AGTGACAACG GCCTACATGT TGCTTAGCTT CTTTGTAT 4980  
 25 GTTCGATGAT TTGAGAACCC GAATTTTCGA TGGGTCCAA TATGACGTGG AAGAGACCTG 5040  
 AATTTATCTG TAAATCCCTA TCTATCGGGT GTGAAGCACA ACGGGATCAG TTTTATTTAA 5100  
 CGAACATTAT AGATTCCTTA ATTTACTTAA TAATGATTCA ATGATTATTA AACATGGTTT 5160  
 30 AATGTGAAAG GTCAAATACG CTAATATAA TAAAGCTGTA TGATTCAATA GACGTAAGCG 5220  
 AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA CAACTATGAA AATGACAGCA ATTGCGAAAG 5280

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 545:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 886 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 545:

45 AGTAAAATTG CCGGTATGAT GGACACAAAC GGTGACCTTG GTCAAGGTGA ATTAGCGATT 60  
 AATCCACCTA AATCAGATTT GAACGAATTA CCTTGGGCTA CACGTAAAAA TAAACAGCCA 120  
 50 GCTTCATCCG AAAAAGGTTT AAGTGGTCAT CATGGTAATG CAGCAATGCC TCAAACCAMA 180  
 TTAGATTATC AAATATCTAT TGATAAGGTC GTTGAACAGG CGCAAAAAGC TGGTATTAAA 240  
 AAGCCGTTTT CAATCGTATA TCCAAGTGAT AAAAATGGTA CCTTTATTGT ATCTAATACT 300  
 55

	TTAATAATAC TTCAATAATT GTTAAAAGGG GTTTAATGTG ATTATCTTAG AACGCCATCT	2460
	ATAATGATGT TGTATGATTC AAATTACGTA AAAAGACAAT CGAATATAAT ATAGATTGGA	2520
5	GCATACAATT ATGAAAATGA GAACAATTGC TAAAACCACT TTAGCACTAG GGCTTTTAAC	2580
	AACAGGCGCA ATTACAGTAA CGACGCAATC GGTCAAAGCA GAAAAAATAC AATCAACTAA	2640
	AGTTGACAAA GTACCAACGC TTAAAGCAGA GCGaTTAGCA ATGATAAACA TAACAGCAGG	2700
10	TGCAAATTCA GCGACAACAC AAGCAGCTAA CACAAGACAA GAACGCACGC CTAAACTCGA	2760
	AAAGGCACCA AATACTAATG AGGAAAAAAC CTCAGCTTCC AAAATAGAAA AAATATCACA	2820
15	ACCTAAACAA GAAGAGCAGA AAACGCTTAA TATATCAGCA ACGCCAGCGC CTAAACAAGA	2880
	ACAATCACAA ACGACAACCG AATCCACAAC GCCGAAAACCT AAAGTGACAA CACCTCCATC	2940
	AACAAACACG CCACAACCAA TGCAATCTAC TAAATCAGAC ACACCACAAT CTCCAACCAT	3000
20	AAAACAAGCA CAAACAGATA TGACTCCTAA ATATGAAGAT TTAAGAGCGT ATTATACAAA	3060
	ACCGAGTTTT GAATTTGAAA AGCAGTTTGG ATTTATGCTC AAACCATGGA CGACGGTTAG	3120
	GTTTATGAAT GTTATTCCAA ATAGGTTTCAT CTATAAAATA GCTTTAGTTG GAAAAGATGA	3180
25	GAAAAAATAT AAAGATGGAC CTTACGATAA TATCGATGTA TTTATCGTTT TAGAAGACAA	3240
	TAAATATCAA TTGAAAAAAT ATTCTGTCCG TGGCATCACG AAGACTAATA GTAAAAAAGT	3300
30	TAATCACAAA GTAGAATTAA GCATTACTAA AAAAGATAAT CAAGGTATGA TTTCACGCGA	3360
	TGTTTCAGAA TACATGATTA CTAAGGAAGA GATTTCCCTG AAAGAGCTTG ATTTTAAATT	3420
	GAGAAAACAA CTTATTGAAA AACATAATCT TTACGGTAAC ATGGGTTTCAG GAACAATCGT	3480
35	TATTAAAATG AAAAACGGTG GGAAATATAC GTTTGAATTA CACAAAAAAC TGCAAGAGCA	3540
	TCGTATGGCA GACGTCATAG ATGGCACTAA TATTGATAAC ATTGAAGTGA ATATAAAATA	3600
	ATCATGACAT TCTCTAAATA GAAGCTGTCA TCGGAAAAAC AAGAAGTTAA GTGACAACGG	3660
40	TTTACATGTT GCTTAGCTTC TTTTATTATG CGTAATGATG TAAAAAGACG AATATTCATT	3720
	TGTTTGTAAG AGTGGCATT CTATGTCTTA AAAGTGACGA AACTTCAAAT GTGCCAAGTG	3780
45	TTGAATCACA TCAAAATCAT TTTTATTTAA CGAACATTAT GGATTTCTTA ATTTACTTAA	3840
	CGATGATTCA AATATAGTTA AACAAGGTTT AATGTGAATG GAGCAATACG CCATCTATAA	3900
	TAAAGCTGTA TGATTCAATG AATGTAATCG AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA	3960
50	CAACTATGAA AATAACAACG ATTGCTAAAA CAAGTTTAGC ACTAGGCCTT TTAACAACAG	4020
	GTGTAATCAC AACGACAACG CAAGCAGCAA ACGCGACAAC ACTATCTTCC ACTAAAGTGG	4080
55	AAGCACCACA ATCAACACCG CCCTCAACTA AAATAGAAGC ACCGCAATCA AAACCAAACG	4140

	AAGCAAGTTT AGCATTGGGA ATGTTAGCAA CAGGTGTAAT TACaTCGAAT GTACAATCAG	660
	TACAAGCGAA aGCAGrAGTT AAaCAACAAa GTGAaTCAGA GTTAAAACAC TATTATAATA	720
5	AmCCAATTTT AGAGCGTAAA AATGTGACTG GATTTAAATA TACTGATGAG GGTAACACT	780
	ATTTAGAAGT CACAGTAGGG CAACAGCATT CTCGAATCAC TTTACTTGGA TCTGATAAAG	840
	ATAAATTTAA AGACGGAGAA AACTCAAATA TAGATGTGTT TATCCTTAGA GAAGGTGACA	900
10	GTAGACAAGC AACAAATTAC TCAATTGGTG GCGTTACAAA ATCAAATAGT GTGCAGTATA	960
	TTGATTATAT CAATACGCCA ATTTTAGAAA TCAAGAAAGA TAATGAAGAT GTACTTAAAG	1020
15	ATTTTACTA CATTTCAAAA GAAGACATCT CATTAAAGA ACTTGATTAT AGATTAAGAG	1080
	AACGTGCGAT TAAACAACAC GGCTTGTTT CAAATGGTCT TAAACAAGGT CAAATTACAA	1140
	TTACAATGAA TGATGGCACA ACACATACAA TCGATTTAAG TCAAAAACCTT GAAAAAGAAC	1200
20	GTATGGGTGA GTCAATCGAC GGCCTAAGA TTAATAAAAT TCTAGTAGAA ATGAAATAAT	1260
	ACTTTCTAAC AACAAAGCGC TATGTTGAAT AGTGCTTGTT ATGGAAATAT ATGGAAGTTA	1320
	AGCGACGTAC TGTTGCTTAG CTTCTTTTTT TGAGGGGAAA AGTTACAAAA CTCACACAAA	1380
25	CAGTCGCACC ACGCATTATC TTTTGCTTAA ATAGCTTAAT CATATTTTAT GAATAGTTAA	1440
	AAACAGGTTA ATGTGAATAT CCGAATACAG CTCCTATAAT ATGGGTGTAT GATTCAAATT	1500
30	ACGTAATAAA ACAATCTAAT TATAATAGAT TGGAGCATAA AACTATGAAA ATGAAAAATA	1560
	TTGCAAAAAT AAGTTTGTTA TTAGGAATAT TAGCAACAGG TGTAACACT ACAACGGAAA	1620
	AACCAGTTCA TGCCGAAAAG AAACCTATTG TAATAAGTga AAATAGCAAA AAATTAAAAG	1680
35	CTTATTATAA TCAACCTAGT ATTGAATATA AAAATGTGAC AGGTTATATC AGTTTCATTC	1740
	AACCAAGTAT TAAATTTATG AATATCATAG ATGGTAATTC TGTTAATAAT ATTGCTTTAA	1800
	TTGGCAAAGA TAAGCAACAT TATCATACGG GTGTACATCG TAATCTTAAT ATATTTTACG	1860
40	TTAATGAGGA TAAGAGATTT GAAGGTGCAA AGTACTCTAT TGGGGGTATC ACGAGTGCAA	1920
	ACGrTaAAGC TGTCGACCTA ATAGCAGAAG CAAGAGTTAT TAAAGAAGAT CATACTGGTG	1980
	AATATGATTA TGACTTTTTTC CCATTTAAAA TAGATAAAGA AGCGATGTCA TTGAAAGAGA	2040
45	TTGATTTTAA ATTAAGAAAA TACCTTATTG ATAATTATGG TCTTTACGGT GAAATGAGTA	2100
	CAGGAAAAAT TACAGTCAAA AAGAAATACT ATGGAAAGTA TACATTTGAA TTGGATAAAA	2160
50	AGTTACAAGA AGACCGTATG TCCGATGTTA TCAATGTCAC AGATATTGAT AGAATTGAAA	2220
	TCAAAGTTAT AAAAGCATAA CACATATACT TGATGACGAA ATAAGTTGAA ATTGAAATAG	2280
55	AGAGGTTAAG TGACGATCAA ACGTTGCTTA ACTTCTTTTT AATGCTTAAA AATTATTTCA	2340

TACCTTTAAT ATTTTCTAGT ATCGAAAGAA TTGACACTAT TAGTACTGCT ATGGAGTTAA 1140  
 GACAATTCGG ACAGTATAAA AGGAGAACCT GGTACGTCAA AAAACAATTA AAAAAAGATG 1200  
 5 ATTATGTTGT TTTGTGTTTG ACGTTAATAC TTCTGATGTT AGTAGTTACA TTATTCTTTT 1260  
 TAAATAATAG TCGATATTTT AACCCGTGGC ATTAGTATTC ATATAAATAG TCTTTAAATA 1320  
 GAAATAGGAG GGAGACATTT AATGATAAAT ACTGAAAGAT TAAATTTAAT GATTCCAAGT 1380  
 10 TCCTCGCATT TAATTGAACT TTATAATATT TGTAGTCATC CACAAGCAA TATATACACT 1440  
 CCCAAAGGTT TACATAATTC CAAATTAGAC ACACAACGGT GGATTGAAAA ATGGCGAAAC 1500  
 15 CATTGGCAAC AATATCAATT TGGTTACTTT GTATTGGTAA AAAAAATAGA TTGTAGTGTT 1560  
 ATTGGTATTT GTGGATATGA ATATCGACAA TTAAAGCAAG AaACAGTATT AAATTTATTT 1620  
 TATAAATTAC ATCCAAGTTT TGAAGGACAA GGGTACGCAT GTGAGGCTAT TACAGCAATC 1680  
 20 ACAAATTTTG TGAATTATAT CGATCAAGAA ACAGTAAAAG TTATCAGGAC AAATAAGTGT 1740  
 AACCAACGTT CAATAAATTT AGCAGAAAGG CTTAAATTCA AGCGAGACGA TACTATGGAC 1800  
 GACATTATCA ATCAAGGAGA TATTGTGTTT TAANAATAAA ATACTATGAC ATTATCTAAA 1860  
 25 AAATAAAATT AAAA 1874

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 544:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5280 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 544:

TCAACATTTT TAACACCAAT GTGAAAATGA TCTATGTGAT TTGCAATGGC TTGATTTGTA 60  
 40 ATATGTGTGC CTAAATGACC TGTAGCACCT GTTAACATAA TATTCATTCA CTTCATCTCC 120  
 TAATCTTTAT ATACATAACA TAATACTTAT TTGATGGTTT TCAAAACATT TGATTTTATA 180  
 AAAAATTCTA ATCTGTATTT ATTGTCGACG TGTATAGTAA ATACGTAAAT ATTATTAATG 240  
 45 TTGAAAATGC CGTAATGACG CGTTTTAGTT GATGTGTATC ACTAATATCA TTGAAAATTT 300  
 TAATCaGGTA CTACGACAAT ATGATGTCTG TTTTGTGTCT GAAAGTTTAA CAGTTTTTAA 360  
 50 AATAAAAATG GTATAAAGTG TGATTTGTAT AAAAAAGAGT CTCGACGGAT AAGAATTGAT 420  
 TAATAACAGT TAGCATTTTA TTAATTACCT TAACAATGAT TCAAGTTTAG TTAAATGAGG 480  
 TTTAATTTGA AAGGGGATAG CGCCTCAATA TAATGTAGGT AGATTGTTCA TATTACGTAA 540

GAGGAACATT TGAACATAAA ATAATATATT TATATAAAAC GACCgAGGCG TTCGAACTGA 2160  
 ATGtCCTCGG GTTTAATTGA ATAGAAATCG GACTTATGAA CGAAATATGT TTAAGTCGAA 2220  
 5 CTCCTTGTTT ATACTTATAA ATTTTACGGG TTTAATATAA TACTTATTTA CCTGTAATAT 2280  
 ATGCATAATT nCTTCAGTCG GTCAGCCTGT CGTTGCATAG TTCCTATGCA GCAAATGCAT 2340  
 10 ATCCTAATCC TTTAACATTG GCATThCTGC AAATGAACGC ATAGAATCCA TTCACTGTTA 2400  
 ACTTTTTThCA ACAAATGTCT nACATG 2426

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 543:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1874 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 543:

GAGTTGGGGA ATGTGCTCAA AATATGCGGA CTTTATGCAT TyCGGAATTG sCCaATTGCA 60  
 25 GCTTTAAGCT ATGGTCAAAA AAAGAGGGTC ACTATAGCAT CTGTTTTAGT CTTAAATCCG 120  
 GAAATAATCA TATTGGATGA ACCGACTGCT GGTCAAGATT TCTATCATTa TAATGAGATA 180  
 ATGTCATTTT TAATTGAACT AAACAGACAG GGAAGACGA TTATTATGAT TACGCATGAT 240  
 30 ATGCATTTAT TGTCTGAGTA TAGTTCAAGA ACAGTTGTAT TATCAAAAGG TCAAGTCGTT 300  
 GCTGATACCA CGCCAgTATT GGTTTTAAAT GATAAAAAA TCTGTGAGAT TGCATCATTG 360  
 AGACAAACAT CGCTATTTGA AATGGCCGAA TATATAGGGA TTAGCGAGCC ACAGAAATTA 420  
 35 GTACAATTAT TTATTAACCA TGATAGGAAG GTGAGACGcC AATGAATCAA TATAATACTA 480  
 TAGGTTTTCA CCCGGGAAAT AGTCGTATTC ATCAATTAA TGCGACTGTT AAACTTTTAT 540  
 40 TCTTATTAGT TGTTTCTATT TCTGCAATGG TGACTTATGA CACAAGATAT TTAATTTTAA 600  
 TTAGTGCTTC ATCTATTTTA TTGGTCAAAT ATGCTCATAT TGAATGGAAA CAAGTTCGCT 660  
 TTGTTGTAA ATTCAATTCTG TTTTTCACAA TAaTAAATAT TATTGCCGTG TACATATTTG 720  
 45 ACCCTGAATA TGGTGTGAAG ATTTATAATC AGCGTACAGA GTTAGTCAAT GGTATTGGTC 780  
 GATTTACGCT AACATCACAG GAATTATTCT ATCTTTTTAA TCTAATATTA AAATATATTA 840  
 GTACAGTTCC TTTAGCGTTA ATATTTTTAT TCACAACGAA TCCGAGTCAT TTTGCTGCAA 900  
 50 GTTTAAATCA GCTAGGTGTG AATTATAAAA TCAGTTACGC AGTCTCACTA GCATTAAGGT 960  
 ATATTCCAGA TATTCAAGAA ACATATTtTa ATATTTCA CAAGCAACAA GCAAGAGGAT 1020

	GTATAAAAAG TCAACGAAAT ATTATTTTGG AAGAACTTGC ACGTACTGAT GATAAAAAGT	360
	ATGCTACACA AAGCATTTTA GAAAGTATAT TTAATAAAGA CGAGGCAGTT AAAATTCTAA	420
5	AAGATATACG TGTGATGGT AAAACAGATC AACAAATTGC AGATCAAATT ACTCGTCATA	480
	TTGATCAATT ATCTCTGACA ACGAGTGATG ATTTATTAAC GTCATTGATT GATCAATCAC	540
	AAGATAAGTC GCTATTGATT TCTCAAATTT TACAAACGAA ATTAGGAAAA GCTGAAGCAG	600
10	ATAAATTGGC TAAAGATTGG ACGAATAAAG GATTATCAA TCGCCAAATC GTTGACCAAT	660
	TGAAGAAACA TTTTGCATCA ACTGGCGACA CGTCTTCAGA TGATATATTA AAAGCAATTT	720
15	TGAATAATGC CAAAGATAAA AAACAAGCAA TTGAAACGAT TTTAGCAACA CGTATAGAAA	780
	GACAAAAGGC AAAATTACTG GCAGATTTAA TTAATAAAT AGAACAGAT CAAAATAAAA	840
	TTTTTAATTT AGTTAAATCG GCATTGAATG GTAAAGCGGA TGATTTATTG AATTTACAAA	900
20	AGAGACTCAA TCAAACGAAA AAAGATATAG ATTATATTTT ATCACCAATA GTAAATCGTC	960
	CAAGTTTACT AGATCGATTG AATAAAAATG GGAAAACGAC AGATTTAAAT AAGTTAGCAA	1020
	ATTTAATGAA TCAAGGATCA GATTTATTAG ACAGTATTCC AGATATACCC ACACCAAAGC	1080
25	CAGAAAaCGt TAACACTTGG TAAAGGTAAT GGATTGTAA GTGGATTATT AAATGCTGAT	1140
	GGTAATGTAT CTTTGCCTAA AGCGGGGGAA ACGATAAAAG AACATTGGTT GCCGATATCT	1200
	GTAATTGTTG GTGCAATGGG TGTACTAATG ATTTGGTTAT CACGACGCAA TAAGTTGAAA	1260
30	AATAAGCAT AATTATATTG GGGGAAGAGC ATCTATATAT TTTTTTAAGT ATATAAGACG	1320
	TCTTATTTCC CCTTAATTTA TTGTGAAGTA TATGCAAAAT GCAATGAATA GATTGTCCAT	1380
35	CATTTTAACG TTATAATGAA TTTAACGACT TAGAACTACA CAAGTAAAGG AGAATGAAGA	1440
	TGTCTCGAAA AACGGCGCTA TTAGTTTTGG ATATGCAAGA AGGTATAGCG AGTAGTGAC	1500
	CTAGAATAAA AAATATTATT AAAGCGAATC AGAGAGCAAT TGAAGCAGCA AGACAACATC	1560
40	GAATACCAGT CATTTTCATA CGTTTAGTGT TAGATAAGCA TTTTAATGAT GTCTCCTCGA	1620
	GTAATAAAGT GTTTTCAACA ATTAAAGCTC AAGGATATGC GATTACTGAA GCAGATGCAT	1680
	CTACACGAAT ACTTGAAGAT TTAGCACCAC TAGAAGATGA GCCGATTATT TCTAAGCGAC	1740
45	GCTTTAGCGC ATTTACAGGT AGTTACTTGG AAGTTTATTT ACGTGCAAAT GATATTAATC	1800
	ATTTAGTATT AACGGGTGTC TCTACAAGTG GAGCTGTATT GAGCACGGCA TTAGAAAGTG	1860
	TAGATAAAGA CTATTATATT ACTGTTTTAG AAGATGCTGT TGGTGATAGA TCAGATGATA	1920
50	AACATGACTT TATTATTGAA CAAATTTTAT CACGCTCATG TGACATTGAA TCCGTAGAGT	1980
	CATGGAAAAG TAGTTTATAG TTAATATAAC GTCAATTAAA GCTCGGCAGT AATGTTTGAG	2040

55

CGACTTCGTA AGTGTGCTCA ATCTCGCCTG cATATGTCAC AGTAAGAGTA TCTTTGTGTG 1200  
 TGTATGTTTG ACTTTTGTTY TCTtTAAGTG CATAAAGTGT TAATACTATA TTGTTTAGCT 1260  
 5 TTyCTTTTTG TTCTGGTGTC ATTTACGCTC CCCCTAmATT AGCyTCATAA CCGAATTCAG 1320  
 TCATGATTTT ATGTATTTTC AATCTGCCTT TTTGTGTCCA TCTAGTTTGT AAAACTGTGT 1380  
 10 CTTCTCTGCC ATCAGAACGC ACAATTGT 1408

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 541:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 432 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 541:

GTTCGTCAAT GATTTTTATC CGATGCTATG AGCATTaTCA AATACAAAAT GCTCTCTTAA 60  
 AAGCAGTTAT TGACTGAAAA TCTACTTCTA AGAGAGCACT TTATTTAATT ACTTAAGAAA 120  
 25 TCTTGAAATT TCAATATACG ATGTTTATGA TAAGTCGCTT ATTCATCTT TAGGCTTGTT 180  
 ATTAGTAAGT AGTTTAATAC CACTGATTAA CCATAAGCA AATGTAATTA TGTTACCACT 240  
 TATTACAGCT CCAATAATCA ACAATATACC ACTCATTTTT TTGTTTTTAG ATGCTTTAAA 300  
 30 CATACCGATT GCACCTAAAA TAATTGAAAT GATTCCAAAT ATGAATAGGG ATAAGAATAA 360  
 TACAGTGAAG ATTGCTGCTG CTGTTTCTGc ATCAACTGGG nCAACCTCAC CATTAACTGT 420  
 35 TGTTGGACAC AT 432

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 542:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2426 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 542:

ATAATCATGA AGTnGCTAAA nCGCCAAATA ATGATGGTTC TGGACATGTT GTGTAAATA 60  
 AATTCCTTTC AAATGAAGAG AATCAAAGCC ATAGTAATCG ACTCACTGAT AAATTACaG 120  
 50 GAAGCGATAA AATTAATCAT GCTATGATTG AAAAATTAGC TAAAAGTAAT GCCTCAACGC 180  
 AACATTACAC ATATCATAAA CTGAATACGT TACAATCTTT AGATCAACGT ATTGCAAATA 240

AAGAGATAAG AAAAAAGATG ATTGTAGATG CCACGCAAAA GCCTATTGGA GARACTTTGC 300  
 CAATAAATCG TGGTGATTTA TCCCGATTTA TTAAATAAAA TTTGGAGGAT TTTAAAATGC 360  
 5 CAAAACGTAC TTTCACTAAA GACGACATTC GTAAATTTGC AGAaGAGGAA AaTGTAaGaT 420  
 ATTTAAGATT ACAATTCAC TATATTTTAG GAACAATTAA AAATGTTGAA GTGCCTGTAA 480  
 GCCAATTAGA AAAAGTACTT GATAACGAAA TGATGTTTGA CGGTA 525

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 540:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1408 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 540:

TTGATTGCT ACAAAGTATC TnCTCATTTC TGTATCCTGA AAAATCTTTA GTGTAATAAT 60  
 GTTGTTCACT TTTAATATTT TCAGTCATAG TTGACTACCT CCGTATATTT TGATTTAATT 120  
 25 AAGTTGTATA TTTTGATGAA CACTTATTGT TACTTGTGG CGCAAGTAGC AGTTTTTTCA 180  
 TTCTTCATAA AAGTATTCCT TATAGAATAT GAATGTTGCG ATACTTGCGA ATCCTGCAAT 240  
 TGaCCATGCT GtAGTGAAGT ATAGAAACGG CATAAGTACA ATCGCTAAGA CTGTGAAGCA 300  
 30 TAGTACTGCT ACTAGGTAGC TTTTATAAAT GTTACTCATT TTCTTTTTTC AACTCCTCCA 360  
 TTATTCTCTG GTCTGATAAG TCGTGATAAG GGAATTTTTT CctAGCTAAT TGGACTGGTA 420  
 TTCTGCCTCG TATCGCAATG TATCCTTCAT CTTCAAGCTC TTTATTCACT TCTCTTATTA 480  
 35 TTTGTCCTGC TTTGGATTTA GAAACAGATA AAATTACCgC AAGTTCTTTA GCTTGCAAAC 540  
 TATTTTTTCAT CATATCTTTT CCTCCTTTAA AATAACTGTT GATTCTCTGG GTTATCTGCT 600  
 TCGTAATTAT CTGCAATAAT ACTTTTAGCG AAAAAGTCCA AACTGACCTT ATATAGGTTG 660  
 40 TTCATAGATT TCTTTACGTT AACCCTTCC TCAAGTACAT AAGGCACCCT AAAATCATTT 720  
 ATAAACAGTC CGTTTTCGTC TAAAGTAACG GTTGGAATT CAGGTTTGTT CCGTCTATAA 780  
 45 ACTTCTCCTA GTGTAGGTTT TTGCTTTTCA GCTTGTTTAG TGAAGTCGGA AAATGCCTTA 840  
 AGTAGTTTTA TTCCTGAATC AGGATCACTG TGTCGCTCAA TCGTTTCTGC TGTAGACTCT 900  
 TTAATAAAAT CATTTCTATT GATTACAGGC TTTCTCGTAT TTCGTTCAAT CTTCCAAACC 960  
 50 TTCCACGTCA CAACTGCCAT TGTGGTGAGG AGGGTTGTTT TGTATAGTGC GTTCATTGT 1020  
 AATTCCTCCT ATTAAGTTGT TTGTTCAATT GTGTGTGTTA TTCTTCTTCG TCTAAATCAA 1080

55



	GAACCAACTT CAGnTTGGCA GCCACCTGTT GCACCAGCTA CACTTGCATT GTTTGCTACG	2640
	ACACGCCCAA ACAATGCTGA AGTGAATAAG AAATCAATCA TTTGCTCTTC TGTAAATCA	2700
5	TGTGTTTTTT CTAATTTAAA AAGTGCACCG GGAATGGTAC CCGAGGAACC AGCTGTTGGC	2760
	GTtGCACAAA TAATACCCAT CGCAGCATTG ACTTCATTTG TTGCAATGGC AcCtTTGcTG	2820
10	CGTCAATCAT TTCATATCCA GACAAAGCAT GATGTGTTTC ATTATAATCA CGTAGTTTAG	2880
	CAGCATCATG ACCAGTGTAG CCGTTACAC TTTCAACCCC ATCACCTGTC GTCCCTTTGA	2940
	TTACTGCGTC TCGCATGACA TCTAAATTTT GTTTCATTTG CGCTCGCACT TCATCACGTG	3000
15	ATTTACCGCT TAATTCCATT TCTTCTTTAA CCATGATATC CGCAAATGAC ATATTATTTT	3060
	CTACGGCATA ATCTATAGTC TCTCTAATTG AATCAAACAT GTTTATTCCC CCTCTAATTT	3120
	ATATAGGAAA CGTTTACGTC ACTGTATTTT TCTTTAATTG TATTTAATGT TGATTCTGAG	3180
20	ATTGCTTTAT TTAATGGTAT TACAACCAAG CATTTATCTT CATCTATCTT AATAAATTCA	3240
	TCTTTACAGT CTAATTTTAT ATCGTTGATA TCATTGATGA AATGATTTAC TTGTGCTTTA	3300
	GTCATATTTT CGTCAACAAC TAAAATTGGT AATCCATGAT TTAAATCTAC TTCTAGTCCA	3360
25	TTTATATGAA TACCTTTAAT TTTAATTGTA CCACCACCGA TTGAAATACC GATAATTTCA	3420
	ATGTAGCGAC CATCATTACG AGATGATTTG ATATAAGCAC AGTTTGGATG TTGACCAATA	3480
30	CTATCGCCTT CTTCTTCGAT GATATCTATT TTAATACCAT CATCAGCTGC AATTTCTAAT	3540
	GAAGATTTAA TTCGGTTATC AAATGTTGAA TATCCCATG CTCCACCCAC AATAGCGACA	3600
	TCTGTACCAT GTCCTTGGTG TGTTTGAGCA AATGATTCAT AATAATGTAT TTCAATATTT	3660
35	TTATATCTCC CAATATTGCG CGTGCTGAAT TCCCCTTTAC TGCACCAGCC GTATGAGAAC	3720
	TTGAAGGGCC CAT	3733

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 539:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 525 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 539:

	TGGCTGTCTT CTCTATGAGT GTAGTAAGTA AGTTAACGGA TTTAACGCCA AGGCAAATAC	60
50	GTTACTATGA AACACATGAA CTCATCAAAC CTGAAAGAAC AGAAGGTCAA AAACGTCTGT	120
	TCTCACTCAA TGATTTGGAA AGATTACTAG AAATTAAATC ATTATTAGAA AAAGGATTTA	180

	AGTATACCAT TAATTTCAAA ATGACTCATA GCAATTCATT TTATACTATA AAATTTACAT	840
	GTATACTTTT ACGTTAGATT TCATTACACA TATTTGCATT CAAATAACGA AACGCTTTTA	900
5	ATAATTACTA AGGGGGAATT GATATGATTA GATACGCTAA AAAAGAGGAT TTAAACGCTA	960
	TATTAGCGAT ATACAATGAT GCCATTATCA ATACTACAGC TGTTTATACT TATGAACCAC	1020
	AAACCATAGA CGAACGTGTC GCATGGTTTG AAACGAAACA ACGTAAGCAT GAGCCTATCT	1080
10	TTGTATTTGA GGAAAATGGA AGTGTCTTAG GGTTTGCAC GTTCGGTTCA TTTAGACCTT	1140
	GGCCAGCATA CCTATATACA ATCGAACATT CTATTTATGT CGATGCTTCA GCTAGAGGAA	1200
	AAGGTATTGC TAGTCAATTA CTACACCATT TAATTGTGGA AGCAAAAGCT AAAGGTTATC	1260
15	GTGCGCTAGT TGCAGGCATT GATGCTTCCA ACAAAGCGAG TATTCAGTTG CATCAAAAGT	1320
	TTGCTTTTAA GCATGCCGGC ACACTGACCA ATGTAGGTTT TAAATTTAAT AGATGGTTAG	1380
20	ATTTAGCATT TTACGAATTA GATTTACAAG ACTAGTAATG TTTGAATCAC ATAATATAAA	1440
	CAAGACAACC ATGTTAATTC CCTTAACATA ACAAGCCAAC ATATAAAATT TTAAACTTCT	1500
	CAGGGGAGTG GGACAGAAAT GATAAAGAGC CACTAATGAT TTATTATGTA GTGGTTCTTA	1560
25	CACATTAGCC ACAGCTAATG TGTACTTAAA AATAGGAATA CATGAGTAAA ACTCATGCAT	1620
	AAGAAATACT AATTTCTATA GAAAAAGTAT TTCTTTATCG TCGTCCCACC CCAACTCGCA	1680
	CATTATTGTA AGCTGACTTT TCGTCAGCTT CTGTGTTGGG GCCCAAAAAG CTGTGTACAA	1740
30	GCGCATTTTC GTTCAGTCAA CTA CTGCTGCTT TATAACTTTG TAGAGCATAT TACATTGATT	1800
	TACATTGTCC CTTTTATTTA TTCTTTTCAA ATACTATCCC CATAGCTTTG ATTTAACGCT	1860
	TTTTCTCAAT AACAAAACGA ATATAGTAGA ACATGAAAAC GATAATCATG CTGAGCGATA	1920
35	AAGATTTAAA TAATAGATTG ACCCACGTTT CCTCAGTCGT ATATCCATAT GTAATCGTTG	1980
	TGTTAATGAT GAATGCTATA AAGATGATTG ATAGTCTTAG CATATCATCA CTCCTTTTAA	2040
40	GTTATTTTAG ATATACGGGG GCGCTTTTGC AATCACTATT TTGATTAGTA TGCATTTTCC	2100
	ATAAATCTTT CAACTTCTTC AGAGATAATT AAGAAGCATC TATCTGGTAC TAATGATCCA	2160
	GACAGATGCT TCTTTTTTAT CAATATTTTA TTGTTATCTC ATTAATTATT TTTAACCATA	2220
45	TCTTCAGCTG TGCCAAAGAT TTTACGTTTA ATTGCTTCGC CAGTTGGTGT GCCTGCTAGT	2280
	CCACCCAATC CAGTTTCACG TAATGATGCA GGAAGGTAC GACCAACCTT ATCCATTGCT	2340
	TCAATAACTT CATCAACAGG GATTCTACTT TCAATACCTG CTAATGCTAA ATCTGCTGAA	2400
50	ATTAAAGCGT TACCCGAACC AATTGCATTT CTCATAACAC AAGGAATTTT AACAAGTCCG	2460
	GCTACTGGAT CACAACTAA ACCTAATAAA TTA CTATTATCG CTAATGCCAT AGCGTGCCCC	2520
55		

CATGTAATGT TGATGGTTTT ATCGTTGCTG TGCCTTCGTC AACTTCAATA TTTGCACCCA 240  
 TGCGCTTTAA TTCTTCAACA TGTTTAAAC GCTCCGGATA AATCGTATCA GTTACAAATG 300  
 5 AAGGACCATT TGCCATAAAT AATAATGGTG TAATAGGCTG TTGCAAATCA GTAGCAAAAC 360  
 CTGGATATAC TAGTGTTTTA ATATCAACAA ATTGATATGG CGCATTATTA TTGATGCGAA 420  
 10 TTCTTTCGTC TCTTACATCA ACATTACAC CTAATTCACT AAATTTAGCA GTTAATGTTT 480  
 CTACATGTTT CGGAACAATA TTATTTAATA TAACATTTTC TCCACATGCT GCAGCGATAC 540  
 ACATATATGT GCCTGCTTCA ATTCTATCAG GTATAACTTG ATACTCAGAA CCATGTAATT 600  
 15 CTTTGACGCC ATTGATTTTA ATTGTTGATG TACCCGCTCC CTTAATATTA GCTCCCATAC 660  
 TTGTTAAGAA GTTAGCAACA TCAACTACTT CCGGTTCTTT AGCAGCATTT TCAATTACAG 720  
 TTTGTCCTGT TGCATAAACT GCAGCTAGCA TAATGtnAAT TGTTCACCT ACGCnAACCA 780  
 20 TATC 784

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 538:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3733 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 538:

CAATCTCCAC CAATGACACG TCGTCATTCTG TGACCTCATA CCArACAAAA AACAGTCTCG 60  
 CAATCAAGAC TGTTTTCCAC TCAATATATT CATCCATTAG CGTAATAGAT TATTTGACTT 120  
 35 CTGTAGCTAC AAAGaTTTTA CGTTTTTCCC AAACGCCTGT cTTTTCATTG TAATCATCAC 180  
 AAGTAATTAA TGTTAATTGT TTATCTTTAC CTTTTTGTTT ATCTAGAACT CCTACATCTG 240  
 40 TAGGCTTAAC ATCTCTTATA CTGTGCATTT TATACTTACG TGTTTCATTA CCAACTTTAA 300  
 AGTACACCAT ACTACCTTTT TTGGCTGCTT TAAGATTTGT AAATTGATAG TTCGGACGGT 360  
 CAATGAAAGT GTGTCCTGCA ATTGAAATAT TTTGATCATC TAGTGATTCA TTTTCTTCTG 420  
 45 CAAAGCTTAC ACCTCTATTT AATTGTTTCTG GTGTTGCTGG TCCTGGATAT ACTGGTTCTT 480  
 TAATATCAGC ATCTGGAATT TCAATATAGC CTGCCACTTT CGATTATCTT TTCGGAATTT 540  
 GAGGTTTAGC TTGCTGCTTT TTATCTTTAC TCGCCTGTTT TTTTACATTT TTATCATATT 600  
 50 GTTCAATCTT TTCATCTTTA TCTTTATCGT GAAGATAATT ATCGATATGT GGTTTAGCAA 660  
 ACAAATATGC TGCCACTAGG aTAAGTACCA CACCAGCGAT TGTCATTAAT CGATTGTGCC 720

AATCTATTAA AGTGTAGCGa TTTATATTTT ATTAAATCTG AATCGTTACT TTATTTAATT 240  
 TTATGCTAAT CCAGCGCGTT CGAAAATAGT GTCAACTTGa TTCAAATGAT GTTTAGGATC 300  
 5 GAAACATTCA TCCAATTCTT CTTTGTGTTAA AACACTTGTA ATAGACTCAT CTGTTCGAT 360  
 TAATTCACGG AACGGTGTTT TCGTTTCCCA AGATATCATC GCTTTTGGTT GTACTTTGTC 420  
 GTATGCTTCT TCACGAACCA TACCTTTATT AATTAATGCT AATAAGACAC GTTGTGAGAA 480  
 10 AATCAGACCA AATGTTTTAT CTATGTTATT ACGCATATTA TCTTCAAATA CAGTTAAACG 540  
 GTCCACAATA TTTGTGAACG ATTCAATGCA TAATCTAGTG CATTGTAAAC ATCTGGTAAC 600  
 ATAATACGCT CAGCAGAAGA ATGAGAAATA TstCTTTTCAT GCCATAATGG CACATTCTCA 660  
 15 TAAGCTGTAG TAATATAACC ACGAATGACT CTTGAAATAC CTGTGATATT TTCAGAACCA 720  
 ATTGGATTTC GTTTATGAGG CATTCGAGAT GAACCTTTTT GGCCTTTTGC AAATGCTTCT 780  
 20 TCAACTTCTC TCGTTTCCGT TTTTGAAGG TTACGTATTT CAACGGCAA TTTTCTAGT 840  
 GATGTCGCGA TTAATGCTAA TGTGCAATA TAGTATGCAT GTCGATCGCG TTGCAATGTT 900  
 TGCGTTGATA CAGGCGCTGT GCCAATACCT AAATGTTTAC ACACATAACT TTCTATTTCA 960  
 25 GGAGGAATGT TAGCAAAAGT ACCTACTGCA CCACTCATTT TCCCTACTTC AATTTCTTCT 1020  
 CTTACTTGTT TGAAACGTTG TAAGTTACGT TGCATTTCCG TGTACCACAA TGCCATTTTG 1080  
 ACACCAAATG TAGTTGGTTC TGCATGCACT CCATGTGTAC GTCCCATCAT CAATGTATAT 1140  
 30 TTATAATTTT TTGCTTTTTC AGCTAAAACG TCGATAAATC TTTCTAAATC TTTTCAATA 1200  
 ATGTCATTIG CTGTGTTAAT AACGAACTT AAAGCTGTAT CTACAACATC AGTAGAAGTT 1260  
 AAACCATAAT GTACCACTTA CGTTCCTCAC CTAGCGTTTC AGAACTTGT CTAGTAAAGG 1320  
 35 CTACAACATC ATGGCGCGTT TCTGTGTTCAA TTTCTTGTGC ACGTTCGACA TTTACCTTTG 1380  
 CGTTTTGACG AATTTTTTGT ACGTCAGCTT TCGGTATATG TCCTAATTCA CTCCATGCTT 1440

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 537:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 784 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 537:

50 GATAAATCTA TnCAGTTTCC GTCCAAATAT CtGCaCCTAA AGCTTTTAaG TGTCTACAA 60  
 TATCTgTATA ACCTCTATAA ATATGTTTAA CATTGTAAAT TGTAAGTTACA CCTCAGCAA 120

(A) LENGTH: 977 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 535:

10	AACAAAGCCT TCCAATTATC TCGTCGGTA GAACAAGTAT TAGCAACTTT ATCACCTACG	60
	CTAAACAGTC CTTACGATTT ATACGGCAGC ACAAAAATGC TAGATATTAC ATTCGATTCA	120
	TTTGAACATG ATGGTACAAC GTACCCTGTC GACTATGCTA CGTTTGAAAA TGATTATGAA	180
15	GATAATAAAG ATCCTGAGTT TAGACGTAAA AGTTTCAAAT CGTTTAGCGA TGGGATTCTGA	240
	AAATATCAGC ATACTACCGC GGCTACATAT AATATGCAAG TACAACAAGA AAAAATTGAA	300
	GCTGATTTAC GTGGATTGTA ATCAGTCATC GATTATTTAT TACATAGTCA AGAAGTAACG	360
20	CGTGATATGT TTGACCGTCA AATCGATATG ATTATGCGTG ACTTGGCACC AGTTATGCAG	420
	AAATATGCTA AACTTTTACA ACGTATTCAC GGATTAGATA ACATGCGTTT TGAAGACTTG	480
	AAGATTTCTG TAGACCCTGA TTATGAACCA GAGATTTCAA TTGAAGACTC AAAAATTAT	540
25	ATTTTCGGTG CGTTAAGTGT TTTAGGTGAT GACTATACAA ACATGTTACG TGAAGCATAC	600
	GATCAGCGAT GGATTGATTT TGCACAAAAT AAAGGTAAAG ATACAGGCGC ATTTTGTGCA	660
30	AGTCCATACT TTACACATTC ATATGTGTTT ATTTCTTGGA CTGGTAAAAT GGCTGAAGCA	720
	TTTGTCTTAG CACATGAATT AGGTCATGCA GGTCATTTTA CATTAGCTCA AAAACATCAA	780
	CCATATCTTG AATCAGAAGC ATCAATGTAC TTTGTTGAAG CCCCTTCTAC AATGAATGAA	840
35	ATGTTGATGG CCAATTATTT ATTTAACACA AGTGATAATC CAAGATTTAA GCGTtGGGTT	900
	ATTGGCTCAA TTTTATCTAG AACATATTAT CATAATATGG tACCCmTTTA TTAGAAGCnG	960
	CTTATCCACG GGGAGTG	977

40

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 536:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1440 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 536:

50

AGACAGTGAT yGaATTTTCAT TTACAGTACA CAAATCATCG AAAAATTGGT AACATTCTTC	60
TCTATTTTCT AACGTTAgwA TTgCATCAAA CAATTCATCT AACGCTGCAC CTCGTAATTT	120

55

	TTGAATAAAT TTTATTCTTC AGTTTGTGG TCTTTCTTAG TGAATCTTCT AATTAAGAAT	4440
	GCCATACCTG CACCTAGAGC TAATTCAGCA TATGGTAAAT CGTCATTATG TGACATACCA	4500
5	GTATCTGGTA AAGTTTTAGC TTGTTGTTTA GCTTTATTAA CTTTTCCTTG TTGAGCTGAT	4560
	TTTGTCTTAG CTTGGTGGTC GTCAGTGTTA GTTACATTAA GCATATCTTG ATTAGCACTA	4620
	TTGCTTCCAT TTGAAACTGT AGCTGGAGAT GCATTGGCAC CGTCGTTTTG CGTAGyTTTA	4680
10	TTGTTTGCAG CTGAACCAAC TGATTTTTGC GTATCATTAG TATCTGCTGT TGCCGTATCA	4740
	TCTTTTTGGC TAACATTAGT TGAAGTCATT TTTTCTTTTG CTTCAGAAGA TGCAGATGTT	4800
	GATGGTTTAT TCGAAACTTC AGTATCAGCT TTGCTTGGCG ATTTATCTGC TTCGTTAGAT	4860
15	GCAACGTTAG TTTCAGACTT AAGTTGTCCT GCATCAGTTT GATTTGTCGT ACTTTCTTCT	4920
	TTATCTTTTG ATGTATTAGA AGGTACATTT GGTTCGTGTT TGTCTGCTGA AGGCAATGTT	4980
20	TCAGTTGTtG ATTCAACCAT ACTTTGATTT GTTGAATCAC TACCATCTTT TTCTGCCTTA	5040
	GCTTTATTTT CAGATTTTGG TTGTGCAACC TTGTCATTAG TTGATTGAGA TTCAGCACTA	5100
	TTATTTACTT CAGCATTTTG TTTTGAATCA TTTACAGATG CATTATCTTT GCTATCAGCA	5160
25	GATGATGCTG CTTCTGTGCT CGCAGTTGTT GGAGCCGTTG CTGTTGATCC TGTGTTGCA	5220
	TTCTCGTTTG TTGCTGTAGT TGTACTATTG TTATTTGTTG TGCTTTCTGC TGGCGTTGCA	5280
	TTATCAGTTT CTGTTACAGG TTTATCAGTT GTGCCGTTAT TAGTTGATTC TACTTCTGGT	5340
30	TTACTAGTTA CATCGTTATC CATTGTCCGA CTGTTTGTTG ATGCATCTAC ACTAGAATTG	5400
	TTATTAGCTT GCGGTTTATC ATTTGCATCA TCAGTTGCTG ATGTTGCTGT TGTTTCACCT	5460
	GTTGCCGCAT CACTATTATT TGGTGTGTC GGAGAAGCGT CTGCTTTGCC ATTAGCTGTC	5520
35	GTCTCAGATA CGTTAGGTTG TCCAGTATTT TCTGGTGTG CATTAGCATT TGAATTTGCT	5580
	GTTGCATCAT TATTATCTAT ACCATTATTA GTATCATTAG CATCTGGATC ATTCTGAGGC	5640
40	ACAATCGCTT CAATTGCAGG TATCGTTACA TTTTGTAATT CAGCAACTTC TGCATTTGTT	5700
	TGTGTTTTAT CTAATTTATC AGCAAATCTG TCAAAATATC TACCTAAATC CGTACGTGCA	5760
	ATTTCTTTTCG CCGATGCATC TGCATCTGCA TTTTAAATTA TTTCTATTTG CTTGTTAACC	5820
45	ACTTCTCTGA TTGCTTCCAA AGCATTTTTT TTAACCTCAG GATTAATACG TTGTGCTTTA	5880
	AGTTGTTCAA GCGCACTATT TTTGACAGTA GCGATTTCTG CATTTGTAGT TTGATCAGAA	5940
	ATATCTTCAG TTGCTTTTGA TAAAATGTCT TCTAAAGCAT TCGTAAACGC TTCTTTTCT	6000
50	TCAGTTGTAG CATCAGCGTT GACATTTACA CCTGCTTCAA TCTGGTCTAG TGCAGTTTCT	6060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 535:

	TAACAGCCAA AATGAAGCAA TTGAAAAAGC AGGTAAAGCC TTAGTTGATA GTGGTGCTGT	2640
	AACAGATGCT TATATTCAAG CAATGAAAAGA TCGTGAGCAA GTCGTATCAA CATTATGGG	2700
5	AAATGGCTTA GCAATTCCTC ATGGCACAGA TGAAGCTAAA ACAAATGTGA TTCCTCAGG	2760
	TTTAACATTA TTACAAATCC CTGAAGGCGT TGAAGGGAT GCGAAGTAG TTAAAGTTGT	2820
10	CGTGGGAATT GCTGGTAAAG ATGGCGAACA TTTAGACTTG TTATCTAAAA TTGCAATTAC	2880
	ATTTAGCGAA GAAGAAAATG TGGATCGTAT CGTTCAAGCA AAATCTGCAG AAGAAATTAA	2940
	ACAAGTATTC GAGGAGGCAG ATGCATAATG AAAGCAGTTC ACTTTGGTGC TGGTAACATA	3000
15	GGTCGTGGTT TCATTGGTTA TATTCTgCAG ACAACAATGT TAAAGTAACA TTTGCAGACG	3060
	TCAATGAAGA AATCATTAAAT GCTTTAGCTC ATGATCATCA ATACGATGTT ATTTTAGCTG	3120
	ATGAGTCTAA AACACGACG CGCGTGAAtA ATGtTGATGC AATTAATTCA ATGCAACCTT	3180
20	CTGAAGCGTT GAAACAAGCA ATTCTAGAAG CTGATATTAT TACAACAGCT GTTGGTGTTA	3240
	ACATACTACC TATTATTGCT AAATCTTTTG CGCCTTTCTT AAAAGAAAAA ACAAAACCATG	3300
	TTAATATIGT TGCTTGTGAG AATGCTATTA TGGCAACTGA TACATTGAAA AAAGCAGTAC	3360
25	TTGATATTAC TGGCCCTCTT GGTAACnaTA TTCATTTTGC TAACTCAGCA GTTGATAGAA	3420
	TTGTACCATT ACAAAAAGAAT GAAAATATAT TAGACGTTAT GGTTGAGCCA TTTTACGAAT	3480
30	GGGTTGTTGA AAAAGATGCA TGGTATGGTC CAGAACTAAA CCATATTAAA TATGTTGATG	3540
	ATTTAACACC ATATATTGAG CGTAAATTAT TAACTGTGAA TACAGGACAT GCATATTTAG	3600
	CGTATgCTGG tAAATTTGCA GGTAAAGCTA CAGTTTTAGA TGCAGTTGAA GATAGTTCAA	3660
35	TTGAAGCTGG CTTACGCCGT GTTTTAGCTG AAAC TAGTCA ATATATTACT AATGAATTTG	3720
	ATTTTACTGA AGCGGAACAA GCTGGTTATG TTGAAAAAAT AATAGATCGT TTCAACAATT	3780
	CTTATTTATC TGATGAAGTA ACACGTGTCG GACGAGGTAC ATTACGTAAA ATTGGCCCTA	3840
40	AAGATAGAAT TATAAAACCA TTAACATATC TTTATAATAA AGATTTAGAA CGCACTGGTT	3900
	TATTAAATAC AGCTGCATTG TTATTGAAGT ATGATGATAC AGCAGACCAA GAAACTGTTG	3960
	AGAAAAATAA TTACATTAAA GAACACGGTT TAAAAGCGTT TTAAAGTGAA TATGCTAAAG	4020
45	TTGACGATGG CTTAGCCGAT GAAATAATTG AAGCGTACAA TTCACTTTCA TAATTTATTG	4080
	AGCTTTGTTT GAAACAAGAA GTTTCCAACG TTATTCGTTA ACAATCAGTA ATAATGTAGT	4140
50	AGTTCCTTG AATTAACAAT ATTAAATTTT TGAACATAAA AAATACTCCC TTCAACATAG	4200
	ACACTTAACT TGTGTTATGT ATGAAAGGAG TATTTTTCG TTAATAATTT GTTTTATTTT	4260
55	CGAGCCACAG CCACCTATTC AATGGCTATT GGTCATTACT AAAACAAATT CATATTAECT	4320

	TAGAGCTTGA TTTAAATAAG TACCAACTAT CTTTATCTCG AAAGCGTGGC GAAGGCATTT	840
	ACTTGGTAGG TACTGAATCA AAGAAACGTG AATTTTAAAG TCAATTAATG GTGAATAACT	900
5	TAAATAGTAC TAGCGTTTAT TCAGTAATTG AAAATCATT TGTCTTTCAT TCATTAAATC	960
	AAATCCACAA AGACTTTGTT GACTTAGAGC GCATTTTTAA TGTTGAAAGA CtATTaATGG	1020
	ACTACCTAAG TGCCTTACCC TACCAACTTA CCGAATCAAG TTATTTAACT TTAAGTGTCC	1080
10	ATATCGTGCT CTCCATTTC ACGTATAAAAA ATGGAGAGcA TGTCGCATTA AACGATGATA	1140
	TTTATGATTG TGTACAAAAC ACATTTGAAC ACAAAGTaGc AAGCGAACTT GCTGATAAAC	1200
	TTGGTCAAAT ATATGACGTC ACGTTTAATC AGGCAGAAAT TGCTTTCATT ACTATCCATT	1260
15	TACGTGGAGC TAAACGAAAA AATCTTAATG ATACATCATT AAATAATCGT TGTGAAGAAA	1320
	ACAAAATTAA AGCGTTTGT TAAACAAAGTAG AAATGATTTT CCGTATGACA TTTGCAGATT	1380
20	TGGATACTTT AGTAGATGGA CTGACGCTAC ACCTTAATCC TGCAATCAAT CGTTTGCAAG	1440
	CTAATATCGA GACCTATAAT CCGTTAACAG ACATGATTAA GTTCAAATAT CCAAGACTAT	1500
	TTGAAAATGT AAGATTAGCT TTAAATGATT GTTGGCCTGA TTTGATTTTT CCAGAGAGTG	1560
25	AAATTGCTTT TATAGTtTTA CACTTTGGTG GCTCGATTAA AAACCAAGGT AATCGATTTT	1620
	TAAACATATT AGTCGTTTGC AGCAGTGGTA TGGGAACTAG TCGTCTATTA TCAACTCGTC	1680
	TAGAGCAAGT TTTTAGTGAG ATTGAGCGTA TTACACAAGC ATCAGTCAGC GATTTGAAGT	1740
30	CACTAGATTT AAGTCAATAT GATGGCATT TTTCTACTGT GAATTTAGAC ATCGACTCCC	1800
	CCTATTTAAC GGTAACCCA TTATTACCAG ATAGTGATAT CAGTTATGTC GCACAGTTTT	1860
	TAAATACAAA GTCTACGTTT CAAGAGACGC ATGATAAATC ATCAAACATG ATTGATAAGG	1920
35	ATGATGTTCA TGTTGAAACG AAAGATGTTG ATGGCAACAC ATCTTTTGAA AATGAACAAA	1980
	CTTCATACTT AACTTCAGTT TTCGAAAAAC ATTTAAGTGA CGAAAAATCA GAACAATTAT	2040
40	TGCATCATAT GCGTTCCGGT TTAACTTTGC TTGATTGAGT GAAAATAGTT AGTACCGAAG	2100
	TTAAACAGTG GCAAACATAT ATCGCAGATT ATCTATATCA ATGCGATGTA ATAAACGATC	2160
	CAACGTCATT CGCTGAACTA CTAGAGCAAC GATTGATTGA CAATCCAGGA TGGATATTAA	2220
45	GTCCATATCC TGTTGCAATA CCACACCTAA GAGACAATAT GATTAAACAC CCTATGATTC	2280
	TAATCACAGT TTTAGAAGAA CCGTTAACAT TGCCTAGTAT TCAAAATGAC AATCAAACAA	2340
	TTAAATATAT GATTTCCATG TTTATTTCTG ACAATGATTT TATGGCATCA CTGGTAAGTG	2400
50	ACTTGTCGGA ATTTTAAAGT TTGAAATTAG AATCTATTGA TACTTTTATG GAAAATCCAC	2460
	AGGAACTTGA AACATTATTA AGAAACAAAT TTTTAGAACG AATTAAAAAA CAATTTATTT	2520



ATTTTCATAC CATCCACCTC CATAATCATC TTAACGCGAA CATTTTGAAA GCGCAATCAA 180  
 AAATCCACAA AATTGTAAAG GTTATTACAC TGACTTTTCC GAAAATTGTG GTAAAATATA 240  
 5 ATTAAGAAAAG AACCAAGGAGG CACTTACTAT GATTACTTAC AAAAATATTT TAATCGCAGT 300  
 TGACGGTTCA CATGAAGCGG AATGGGCATT TAACAGAGCA GTTGGTGTTG CTAAACGTAA 360  
 10 CGATGCGAAG TTAACAATTG TGAATGTAAT TGATTCAAGA ACGTATTCTT CTTATGAAGT 420  
 TTATGATGCT CAATTTACTG AAAAATCTAA GCATTTTGCA GAAGAATTAT TAAATGGTTA 480  
 TAAAGAAGTA GCTACTAACG CTGGTGTTAA AGATGTAGAA ACGCGTCTAG AGTTTGGyTC 540  
 15 TCyTAAATCT ATCATTCTTA AAAAGCTTGC ACATGAAATT AATGCAGACT TGATTATGAG 600  
 TGGTACATCA GGCTTAAATG CCGTGGAAGg ATTTATTGTT GGTTCGTAT CAGAATCTAT 660  
 CGTTCGTCAT GCGCCATGTG ACGTGTTAGT TGTTCGTACT GAAGAGTTAC CAGCAGACTT 720  
 20 CCAACCACAA GTT 733

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 534:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6060 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 534:

TGATGATCCT GAAGCGCTAT TGGATAATTA CAACACTGAA GATGTTGATG CACACAATTA 60  
 35 CAATAATATA AATCATGTTA TTTTGCCTG CGATGCGGGT ATGGGTTCTA GTGCAATGGG 120  
 TGCArGCATG TTACGTAATA AATTTAAAAA GGCGGGCATT AATGATATTA CAGTTACAAA 180  
 TACTGCGATT AATCAATTGC CAAAAGATGC TCAATTAGTT ATCACTCAGA AAAAATAAC 240  
 40 TGATCGTGCT ATTAAACAAA CACCAAATGC CATCCATATT TCAGTGGATA ATTCCTTAA 300  
 TTCACCAAGA TATGAAGAAC TTTTAAATAA TCTAAAAAAA GATGATCAAG CATAATAATT 360  
 AAATAAATTA AAAAATGGAG GATACCGCCA TGTTATTGAG TACACGTGAA AAAGAAATGA 420  
 45 TAGCCcAtT GATTAAGTAC CACGGtCAAt ATATCACTAT ACACGACATT GCTCAGCAAC 480  
 TTGCGGTGTC CTCTCGTACT ATTCACCGTG AATTAAAAGG TGTTGAAGCA TATTAACTT 540  
 CATTTTCATT AACTTTAGAA CGCGCAAACA AAAAAGGGcT ACGCATTGCT GGCACAGATT 600  
 50 CTGATTTAAA CGATTTGAAG CAATCGATTG CACAACATCA AACCATTGAC TTATCTGTTG 660  
 AAGAGCAGAA AGTAATTATT ATATACGCTT TGATACAAGC CAAGGAGCCA GTTAAACAAT 720

AACTGGTGCT GGCATAGGAG AAGAATTATA TGATGACATA TTGCATGAAG AAGTATTTTT 480  
 TAAAGAAGAC GAAACGCCAT CAAATGCTGA TTTTGTATT TTAGTTAATG GTGATTCAAT 540  
 5 GGAACCTATG TTAAACAAG GAACATACGC TTTTATTAAG AAAGAAGATT CTATTAAAGA 600  
 TGGTACAATT GCACTCGTTG TATTAGATGG AGTAAGTCTT ATCAAGCGTG TAGATATATG 660  
 CGAAGACTAT ATTAATTTGG TATCTCTAAA TCCGAAGTAT GATGATATCA AAGTCGCTTC 720  
 10 GTTTAGTAAT ATTAAAGTAA TGGGCAAAGT TGTATTGTGA TTAATAGCGC CTATATGGCA 780  
 CTTTAATATA AAAGACGTCT ATTTCAGCAG TGTTTAAAAG GAGTTTATAA TGAAAATAAC 840  
 TAATTGCAAA ATAAAAAAG AAACATAGT ATATGAAGTT TTAAC TAGTG GTAATCAACC 900  
 15 ATCACTTAT GAGTTACCTA AAGATTTATC GTCACATAAT GC 942

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 532:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 417 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 532:

TGGnAAATGC AAACCAAAT ATGATCCTCG TGcAAGTTGA AGCGGGACGT TATGAAGAAT 60  
 30 GGGTAAAGAA TGGTTATTTT AAACCGTCAG AAGATAAATC AAAAGAAACA TATACAATTG 120  
 TTATCCCGCC ACCAAATGTA ACTGGTAAAT TACATTTAGG ACATGCATGG GATACGACTT 180  
 TACAAGATAT CATTACACGT ATGAAACGTA TGCAAGGATA CGATACGTTA TACTTACCAG 240  
 35 GTATGGATCA TGCTGGTATT GCGACACAGG CAAAGGTAGA AGCTAAATTA AATGAACAAG 300  
 GAATAACTAG ATATGATCTT GGTCGTGAAA AGTTTTTAGA ACAGGCATGG GATTGGAAAG 360  
 40 AAGAGTATGC GTCATTTATT CGTGCGCAAT GGGCTAAATT AGGTCTAGGT TTAGATT 417

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 533:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 733 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 533:

GATCCTGAAC CCGCATTTGT TTCCACTAAA ACAGTATGCC CACTTTCTAC TAAAGCGTGC 60

	AAACTTGTTA GGGTTTGAAT TACAACCAAC TAATGATGGA TTGATTATTC ATCCGTCAGA	4620
	ATTTAAAACA AATGCAACAG TTGATAGTTT AACTGATCAT CGAATAGGAA TGATGCTTGC	4680
5	AGTTGCTTCT CTACTTTCAA GCGAGCCTGT CAAAATCAAA CAATTTGATG CTGTAAATGT	4740
	ATCATTTCCA GGATTTTAC CAAAATAAA GCTTTTAGAA AATGAGGGAT AATATAAAAT	4800
10	GGAAGATATC TATAAATTAA TAGACGATAT CAATCTACAA AACTAGAAA ATTTAGACTC	4860
	TCGTGTTAAT GAAGCAATAA CTA CTGACAA CGATGACGCA TTATTTATTC TAGGAGAGAC	4920
	ACTTTACAAT TTTGGATTAA TGCCaCAAGG TTTGGAAGTA TTCCGCGTGT TATATCACAA	4980
15	ATATCCAGAC GAAAGTGAAT TGCTGATTTA TTTTATTGAA GGTTTAATGT CTGAAAATCA	5040
	AACTGACGAA GCGTTAGAAT ATTTAAGTTA TGTTGAACCA TCACCTGAAA AGTTGATGTT	5100
	AGAAGCAGAT TTATATCAAC AAATTAATAT GATGGAAGTT GCTATTGATA AATTACAAGA	5160
20	AGCACTTGAA CTAGAGCCAA ATGATCCAAT AATCCATTTT GCATTGGCTG AAATGTTATA	5220
	TTATGATGGT CAATATTTAC GTGCTACCTC TGAATACGAA ACCGTTTTAG AACTGGTGA	5280
	ATATCAAGTT AATGGTGTA ACTTATTCTC TCGTATGGCA GATTGTAGTT TACAAAGTGG	5340
25	kAACTATAGT GATkCcGATt CgCTTATACG ATGrAATTAA TGAAGATGAA ATGACTTCAG	5400
	AAGATTATCT CAAAAGAGCC ATTTCTnACG ATAAAAATGA CATCACTCAA GAAGCAATTA	5460
30	AAATAATGAC TACATTACTT TCTAAAGATC CTGATTATAT TCAAgGCTAC TTGTATTTAC	5520
	aATCaTTATA TG	5532

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 531:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 942 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 531:

	AATTGGGTTA TACTATAGGT AAATTTAAGG AGGTAAGAAA ATGGATAAAA AAGAATTAGC	60
45	GAAATTTATA GGCAATAAAA TCAGATACTA TAGAACCaaa TTGaACTTAA CTCAAGATCa	120
	ACTTGAGAA AACTCmAcA CTAAAAArGC TACTATTTCA AATTATGAGA CAGGGTACAG	180
	AACTCCTAAA CAAGATGATT TGTTTGAAAT TGCTCATATT TTAAATATCA GTATCGATGA	240
50	TTTGTTTCCT ACAAGAAATA ATAAAAAAA CGACATCACT TCCATATACA ACAAACCTCAG	300
	ACCTCCCCGC CAAGAAAACG TACTTAACTA CGCAAATGAG CAATTAGATG AACAGAATAA	360

	ACGAGGCGTG CACTTTATAC AAGTGCCAAC GACTATACTA GCGCATGATT CTAGTGTTGG	2820
	CGGTAAAGTG GGTATTAAC TAAAGCAAGG TAAAAACCTT ATCGGTGCAT TTTATCGTCC	2880
5	AACTGCTGTG ATTTATGATT TAGTCTTTTT AAAGACGTTA CCATTTGAGC AAATATTAAG	2940
	TGGCTATGCA GAAGTTTATA AGCATGCGTT ATTGAATGGT GAATCAGCGA CGCAAGATAT	3000
	CGAACAGCAC TTAAAGATA GAGAGATATT ACAGTCATTA AATGGTATGG ATAAATATAT	3060
10	TGCTAAAGGT ATTGAAACGA AGCTGGATAT TGTTATTGCA GATGAAAAAG AACAAGGTGT	3120
	ACGTAAATTT TTAAATTTAG GTCATACATT TGGTCATGCT GTTGAATACT ATCATAAAAT	3180
15	ACCTCATGGT CATGCAGTGA TGGTTGGCAT TATCTATCAA TTTATAGTTG CGAATGCTTT	3240
	GTTTGATTCT AAGCATGATA TTAATCATT TATTCAATAT TTAATACAAC TCGGCTATCC	3300
	TTTAGACATG ATAAGTACT TGGATTTTGA AACGTTATAC CAATATATGC TAAGTGATAA	3360
20	AAAGAATGAT AAGCAAGGTG TACAAATGGT CTTGATTAGA CAATTTGGAG ATATCGTTGT	3420
	ACAACATGTT GATCAACTAA CATTACAACA TGCATGTGAA CAATTAAAAA CATATTTTAA	3480
	GTAGGTGAAT GAAATGGTAA ATGAACAAAT CATTGATATT TCAGGTCCGT TAAAGGGCGA	3540
25	AATAGAAGTG CCGGGCGATA AGTCAATGAC ACACCGTGCA ATCATGTTGG CGTCGCTAGC	3600
	TGAAGGTGTA TCTACTATAT ATAAGCCACT ACTTGCGGAA GATTGTCGTC GTACGATGGA	3660
	CATTTTCCGA CTGTTAGGTG TAGAAATCAA AGAAGATGAT GAAAAATTAG TTGTGACTTC	3720
30	CCCAGGATAT CAATCTTTTA ACACGCCACA TCAAGTATTG TATACAGGTA ATTCTGGTAC	3780
	GACAACACGA TTATTGGCAG GTTTGTTAAG TGGTTTAGGT ATTGAAAGTG TTTTGTCTGG	3840
	CGATGTTTCA ATTGGTAAAA GGCCAATGGA TCGTGTCTTG AGACCATTGA AACTTATGGA	3900
35	TGCGAATATT GAAGGTATTG AAGATAATTA TACACCATT AATTATTAAGC CATCTGTCAT	3960
	AAAAGGTATA AATTATCAAA TGGAAGTTGC AAGTGCACAA GTAAAAAGTG CCATTTTATT	4020
40	TGCAAGTTTG TTTTCTAAGG AACCGACCAT CATTAAAGAA TTAGATGTAA GTCGAAATCA	4080
	TACTGAGACG ATGTTCAAAC ATTTTAATAT TCCAATTGAA GCAGAAGGGT TATCAATTAA	4140
	TACAACCCCT GAAGCAATTC GATACATTAA ACCTGCAGAT TTTCATGTTC CTGGCGATAT	4200
45	TTTCATCTGCA GCGTTCCTTA TTGTTGCAGC ACTTATCACA CCAGGAAGTG ATGTAACAAT	4260
	TCATAATGTT GGAATCAATC CAACACGTTT AGGTATTATT GATATTGTTG AAAAAATGGG	4320
	CGGTAATATC CAACTTTTCA ATCAAACAAC TGGTGCTGAA CCTACTGCTT CTATTCGTAT	4380
50	TCAATACACA CCAATGCTTC AACCAATAAC AATCGAAGGA GAATTAGTTC CAAAAGCAAT	4440
	TGATGAACTG CCTGTAATAG CATTACTTTG TACACAAGCA GTTGGCACGA GTACAATTAA	4500

55

	GATACGATTA TATTA AAAACG GCTAATCATT TTTAATTAAT GATTATATGA TGCAACTGTT	1020
	TAGAAATTCA TGATACTTTT CTACAGACGA ATATATTATA ATTAATTTTA GTTCGTTTAA	1080
5	TATTAAGATA ATTCTGACAT TTAAAATGAG ATGTCATCCA TTTTCTTAAT TGAGCTTGAA	1140
	AACAAACATT TATGAATGCA CAATGAATAT GATAAGATTA ACAACATATT ATAATGTTAT	1200
10	CGTGGAAGTA TGAAAGGAGC GAGTGTGTAT GAGATACCTA ACATCAGGAG AATCACATGG	1260
	ACCTCAATTA ACAGTTATTG TTGAAGGTGT ACCTGCAAAT ATAGAAATTA AGGTTGAGGA	1320
	TATTAATAAA GAAATGTTTA AGCGTCAAGG CGGTTACGGA CGTGGACGTC GTATGCAAAT	1380
15	TGAGAAAGAT ACAGTAGAAA TAGTATCAGG CGTTAGAAAT GGTTATACAT TAGGTAGTCC	1440
	AATTACTATG GTTGTAACCA ATGATGACTT TACGCATTGG AGAAAAATTA TGGGAGCAGC	1500
	TCCAATAAGT GAAGAAGAAC GTGAAAATAT GAAACGTAAT ATTACAAAAC CAAGACCTGG	1560
20	TCATGCAGAT TTGGTTGGAG GTATGAAATA TAATCATCGT GATTTACGAA ATGTGCTAGA	1620
	GCGATCATCT GCTAGAGAAA CAGCAGCTCG AGTTGCAGTC GGTGCCTTAT GTAAAGTGTT	1680
	ATTACAACAG TTAGATATCG ATATATACAG TCGTGTGTGT GAAATAGGTG GAATTAAAGA	1740
25	TAAAGATTTT TATGATTCAG AAACATTTAA AGCAAATCTT GATCGTAATG ATGTTTCGTGT	1800
	AATTGATGAC AGTATCGCAC AAGCAATGCG AGATAAAATT GACGAaGCTA AAAATGAAGG	1860
30	AGATTCAATT GGCGGTGTCG TTCAAGTTGT AGTTGAAAAT ATGCCTGTTG GTGTAGGTAG	1920
	TTATGTGCAT TATGATCGTA AGTTAGATGG TAAGATTGCA CAAGGTGTTG TCAGCATAAA	1980
	TGCTTTTAAA GGTGTAAGCT TTGGTGAAGG ATTTAAAGCA GCTGAAAAGC CAGGTAGTGA	2040
35	GATTCAAGAT GAAATTCTAT ATAATAGTGA AATTGGTTAT TATCGTGGAT CTAATCACTT	2100
	AGGTGGTTTA GAAGGCGGTA TGTCAAATGG AATGCCAATT ATCGTTAATG GTGTAATGAA	2160
	ACCAATTCCA ACGTTATATA AACCATTAAA TTCAGTAGAC ATTAATACTA AAGAAGACTT	2220
40	TAAAGCAACA ATTGAACGTT CTGATAGTTG TGCTGTTTCT GCAGCAAGTA TCGTCTGCGA	2280
	ACATGTCGTA GCATTTGAAA TAGCAAAAGC ATTATTGGAA GAATTCCAAT CAAATCATAT	2340
	TGAGCAACTT AAACAACAAA TTATTGAGCG CAGACAATTA AATATTGAGT TTTAACAACA	2400
45	AGAACAATTG AGGTGTAATC ATGAAATTAC AAACAACATA CCCTTCAAAT AATTATCCAA	2460
	TATATGTTGA ACACGGTGCA ATTGACCATA TTAGCACGTA TATTGATCAG TTTGATCAAA	2520
50	GTTTTATATT AATTGACGAG CATGTAAATC AATATTTTGC TGATAAATTT GATGATATTT	2580
	TATCATATGA AAATGTACAT AAAGTTATTA TTCCAGCTGG TGAAAAGACG AAAACATTTG	2640
55	AGCAATATCA AGAAACATTA GAGTATATTT TATCCCATCA TGTAACTCGT AATACAGCAA	2700

ATCTTATTAT GTATGTTGTG TTTGCGCTTG TCGCGGTAAC GCAATTTAAT ATTGAAATTA 2700  
 ATGCGAAAGT TAAATATCCA ACTCATTTAG ATATTACTGG TAAAAAGAAT AAAGCAAGAT 2760  
 5 TTATTTTCATT AGTACTAATT TGTGCAATGT TTGCAATTTG TTGGGTTGCA TATATTCAAT 2820  
 GGGAGTCTAC AATCGCTTCA TTTACACAAT CTATTAATAT TTCAATGGCA CAATATAGTG 2880  
 TTTTATGGAC AATTAACGGA ATAATGATTT TAGTAGCACA ACCATTAATT AAACCGATTC 2940  
 10 TCTATCTGTT AAAAGGAAAC TTAAAGAAGC AAATGTTTGT CGGCATCATC ATTTTTTATGT 3000  
 TGTCGTTCTT TGTACAGAGT TTTGCCGAAA ACTTTACAAT ATTTGyTGTC GGTATGATTA 3060  
 TTTTAACTTT TGGAGaATGT TTGTATGGCC AGCAGTTCCA ACTAT 3105

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 530:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5532 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 530:

TAATGATTAA ACCAGATGCA GTACAAAGAA ATCTAATTGG TGAAGTAATT TCAAGAATTG 60  
 AAAGAAAAGG ACTAAACTT GTCGGTGGTA AATTAATGCA AGTACCAATG GAACCTGCTG 120  
 30 AAACACATTA TGGTGAACAC CAAGGTAAAC CATTTTATAA TGATTTAATT TCATTTATTA 180  
 CATCAGCACC AGTGTTGCA ATGGTAGTTG AAGGTGAAGA TGCAGTTAAT GTATCTAGAC 240  
 ATATTATTGG CAGCACCAAT CCTTCAGAAG CTTACCAGG ATCAATTAGA GGTGATTAG 300  
 35 GTTTAACTGT TGGTAGAAAT ATCATTCACG GTTCAGATTC ATTAGAGTCT GCTGAACGTG 360  
 AAATTAATCT ATGGTTTAAT GAAAATGAAA TTAGTAGCTA TGCTTCACCA CGTGATGCAT 420  
 40 GGTATATGA ATAAAAATATA AACTGTAAAC CTTTACGATT TATTTATAAA GGTAGAAAGG 480  
 GTTTTGTTAT GTGGTTAGTC ATTATGaTTA TACATAACAA GGCCCGTTTT TTATGTTGTA 540  
 GTAAATTACT TGAAAAATTT TATAGTTTTT kGGTAACACG TAtTaAAAAaG AGAGGAATAT 600  
 45 TCTTTATCAA ATGAAACTAA ACAGAGAGAA GGGGTTGTTA AAATGAAGAA TATTATTTTCG 660  
 ATTATTTkGG GGATTTTAAT GTTCTTAAAA TTAATGGAAT TACTATATGG TGCTATATTT 720  
 TTAGATAAAC CACTTAATCC TATAACAAAA ATTATTTTTA TACTGACTCT CATTTATATT 780  
 50 TTTTATGTAT TAGTAAAAGA ATTGATTATA TTTTGTaAGT CAAAGTATAA CAAAAGCGCT 840  
 TAACATATGT ATATTTTAAT ATCATAATTT TTTTAAACGG ACTGATTAAC TTTATTAATA 900

	TATATGATGT TCAATATTTT CATGTCCATC TTTTATTAAA GAAACATGAT TGAAATCCTT	900
	AACTTTATCA CGTGTATTTT CCAAAGCTAA ATCTTGAATG TCGAAACCAT AAACATGTCC	960
5	TTCTGGTACT TGTTCCGGCTA AAAATAAAGT GTCATTGCCG TTACCGCAAG TTGCGTCTAC	1020
	AACAATACTT TCTGGTGTTA TATGTTGTTT AATAAGTGTT TTTGAAAAAG GGAGTATACG	1080
10	TTCTAATTTT ATTGCTTCAC CTTAGACTTG TAACGCAAGC CTTGATAAGA ATTTCTACGT	1140
	GCTAATTCAG CATCGATGCC ATTTAATACT TCCCATTAT TAACACTCCA CATTGGACCT	1200
	ACCATGATAT CTATTGGACC ATCACC GGTA ATTCGGTGAA CGATCATTTT AGGGGGAATC	1260
15	ACTTCTAATT GGTCCACAAC TAGGTTTGTG TACTCTTCTT GAGTCATAAA AGTTAATAAA	1320
	CCTTTATCGT ATTGTTTTAC CATCGGTGTA CCTTTTAACA AATGAAGTAA ATGAATTTTA	1380
	ATACCTTGTA CATCCATTG TGCACCTTCTT TGGCAGTAGC CATCATCATG TCATAGTCTT	1440
20	CGCCAGGTAA GCCATTAATG ATGTGTGTAC ATACATTGAT ATTATGCTTA CGTAATTTTG	1500
	CCACACCATC ATAATAAGTT TTCATATCAT GGGCACGATT GATTAAATCA GATGTTGACT	1560
	GATGGATTGT TTGTAGTCCT AATTCAACCC ATAAGTATGT TCGTTGATTC AAATCTGCTA	1620
25	AATATTCGAC AACATCGTCT GGTAGACAGT CAGGACGCGT ACCAATAGAT AATCCCACAA	1680
	CACCCGGTTC TTAAAGTACA GGTTCGAATT TTTCTTTTAA TACTTCAACC GGTGCATGTG	1740
	TATTTGTAAA TGCCTGAAAA TAAGCAATAT ATTTTCCTTC GTGCCATTTT TCATGCATCT	1800
30	TTTCTTTAAT TTCTTTAAAT TGTACTGCGA TTGAATCTGC ACGATTACCT GCAAAGTCTC	1860
	CGCTACCTGC AGCAGAACAA AATGTACATC CACCATGTGC TACAGTGCCA TCGCGGTTAG	1920
35	GACAGTCAAA CCCGCCATCC AATGCAACTT TAAATATTTT TTGTCCAAAT TTATTTTTTA	1980
	AATGGTAATT CCATGTGTGA TAACGTTTGT TTTCAAAAGC GTATTGGAAA TGATTGCCCA	2040
	TATGTCATTT TCCTTTCTAT AAAAAAAGAG TTCTAAGTAC AGATTTTAAC ATATTTTAAT	2100
40	GTTATAGTGT TTATTATAGT TTGACAAAAA AGAGAGAGGA ACTATGAAAT ATGAATATAC	2160
	CTAAATCAGT CTGGTGGCTA GTAATTGGCA TGGCGTTAAA TATTACTGGT TCCAGTTTTT	2220
	TGTGGCCTTT AAATACAATT TATATGAAAC AAGAACTGG AAAAAAGTTTA ACTGTTGCTG	2280
45	GTTTAGTGCT AATGATAAAT TCATTTGGCA TGGTTATTGG AACTTATTA GGTGGTTCAC	2340
	TATTTGATAA ATTAGGTGGA TACAAGACGA TTTTAATTGG AACTTTCACT TGTCTTTGTA	2400
	GTACAACGCT ACTTAATTTT TTTACAGGGT GGCCTTGGTA TGCTGTATGG CTTGTAATGT	2460
50	TAGGGTTTGG TGGCGGAATG ATTATTCCTG CGATATACGC TATGGCTGGA GCAGTGTGGC	2520
	CAAATGGCGG AAGACAAACG TTTAATGCGA TATACTTAGC GCAAAATATT GGTGTGGCTG	2580

55

TCAATGATTG TGCATGGCAA ATGAGTTTTC CAATCAATCG TCAGCAACAG TTTAAAGACC 2340  
 AACCTGAAAA TGAAATATCT ACATGGATTT ATGCCTTATA TTCAGATGTA AACGGCGATT 2400  
 5 ATATTAAAAA GCCAATTACA GAATGTAGTG GTAATGAAAT ATGCCAAGAA TGGCTGTATC 2460  
 ACTTAGGTGT ATCAACTGAC AAAATTGAAG ACTTAGCAAA ACATGCATCT AATACGATTG 2520  
 CTGTTTATAT GCCATATATC ACATCTTATT TCATGACGCG TGCTATCGGC GACAGACCTT 2580  
 10 TAGTCGTCCC GCATCAATCT CAGAACTTAG CATTATTGG TAACTTTGCA GAAACAGAGC 2640  
 GAGACACTGT ATTTACAACA GAATATTCGG TTCGTACTGC CATGGAAGCT GTTTATCAAT 2700  
 TACTAAATAT AGATCGTGGT ATTCCAGAAG TCATCAATAG TCCATTGAT CTTCGCGTCT 2760  
 15 TAATGGATGC CATATACGAA CTGAATGACC ACCAAGATTT GCGTGAGATT ACTAAAGATT 2820  
 CGAAAATGCA AAAACTCGCA TTAGCAGGAT TCCTTAAAAA GATAAAAGGT 2870  
 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 529:  
 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3105 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear  
 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 529:  
 30 CnGTTTAGCT GCAAAAAGTA AATAACGACA CTGTATTTGG AATTTTGCAA TTAGAAACAC 60  
 TTTTGGGTGA CATTAACTCA ATTTTCAGCG AGATTGAAAG CGAATACAAA ATGTCTAGAG 120  
 AAGAAATTTT AATTTTACTA ACTTTATGGC AAAAAGGTTC TATGACGCTT AAAGAAATGG 180  
 35 ACAGATTTGT TGAAGTTAAA CCGTATAAGC GTACGAGAAC GTATAATAAT TTAGTTGAAT 240  
 TAGAATGGAT TTACAAAGAG CGTCCTGTTG ACGATGAAAG AACAGTTATT ATTCATTTCA 300  
 ATGAAAAGTT ACAACAAGAG AAAGTAGAGT TGTGTAATTT CATCAGTGAT GCGATTGCAA 360  
 GTAGAGCAAC AGCAATGCAA AATAGTTTAA ACGCAATTAT TGCTGTGTAA GTTTAATAGC 420  
 ATAAAAAGAG GTTTTCATTA AGTTGAAAAC CTCTTTTGTG TGTGGCATT AATTTTTCAA 480  
 45 ATGTTGACTA CTCAATCCTA AATTATAAAT AGTATAGCGC aCAAaTGCTT AAGAAATTTT 540  
 TTCTATGGCA CAAATGAATG GAGCATGATT ACGTTGGTTT AAAAATTGAT ATTGCAAAAC 600  
 TTGCGCATGC TTTTGATCCA AAGTACTCAA GTAATCAAGC AATGCATGCT TCTCAATTTG 660  
 50 TCCTTCGCTA TGACCATGAT ATATAACAAG TACAATAATA CCTTCAATTG ACATTAATGA 720  
 TAGCAATGAA TTAATAGCTT GGATTGTCGT GTCAGGCTTT GTCACGATAG ATTTATCACC 780

55



	GCATTTATAG GAATATCCAT TATTTCAATA AGTAAAGATG ATTACACAAC TATTAATGTA	540
	TTAGGTGTTT TTATTATTTT ACTTGCATCT TTTAGTGAAA GTTTGTATTT TACTTTCCAG	600
5	AAAAAATACA TAGAAAAATA CGGCTTCATC GCTTTCACAC TATaTACAAT AATGGCAAGC	660
	TCACCATTTA TGCTTATTTT TATTCCTGAA ATCATCAACG ATATACACGG CGCCACTTTT	720
10	ACATCAATAG TATCGGTACT TTATTTAGCT ATATTCCCTA CTATAATTCC ATACGTTTTG	780
	CTTGCTTATA TTGTGAAGTC AGTTGGTGTC TCTGATGCAA CAATGTCTCT TTATTTAACA	840
	CCTATCGTTT CTTTATTATT ATCTTATCTG TTATTAGACG AGCTACCAAC AACCCCTTGCT	900
15	ATTATAGGCG GAATTATCAC TCTACTAGGC GTTAGTTTAA GTAACCTCTT TCAAAATACA	960
	TAATTATTCC AAGTCCCGCA CCTCAGAATC CAAAACATT CGAGTGATAA AATTTTAAAA	1020
	ATCAAAAATA TAAAATGAT CTAATTTCTG CAAATTTACC AATATAAATA CTAATATTTG	1080
20	CAATTCACAA AGGGGTATAG TCTGAGTGTA TTCTAATACG AAAGGACTTG GTGGATATGT	1140
	ATTACAGTTA TGGAAATTAT GAAGCATTG CGCGCCCTAA AAAACCTGAA AATGTAGAAA	1200
	ACAAATCCGC TTACTTAATC GGATCTGGTC TAGCTTCACT TGCTGCAGCT TGTFTTTTAA	1260
25	TAAGGGATGG TCAAATGGAA GGTTCTGAAGA TTCATATTTT AGAAGAGTTA CCTAAAGCAG	1320
	GTGGTAGTCT TGATGGTGAA AATATGCCTT TAAAAGGCTA TGTGTCCGC GGTGGTCGTG	1380
30	AAATGGAGAA CCACTTTGAA TGTTTGTGGG ACTTATTCAG ATCTATCCCT TCATTAGAAA	1440
	TCGATAACGC GTCTGTATTA GATGAGTTCT ATTGGCTAAA CAAAGAAGAC CCTAACTATT	1500
	CTCGCTGTCG TGTTATTGAG AAACAGGGTC AACGTTTAGT CACAGACGGA GACTTCACTT	1560
35	TGACTAAAAC GGCGATTAAA GAAATTTTAG ATTTATGCTT AACGAATGAA GAAGATTTAG	1620
	ATGATGTCAA AATAACAGAT GTATTTTCCG ATGACTTCTT TAATTCAAAC TTTTGGATTT	1680
	ACTGGAAAAC GATGTTTGCA TTTGAACCGT GGCATTCTGC AATGGAAATG CGTCGCTATC	1740
40	TAATGCGATT CGTTCATCAT ATTAGTGGTC TCGCAGACTT TTCAGCTTTA AAATTCACTA	1800
	AATATAATCA ATATGAATCT TTAGTATTAC CTATGGTTGA ATATTTAAAA TCGCATGGGG	1860
	TTCAATTTGA ATACGATGTA AAAGTCGAAG ATATTAAAAT AGATGTTACG ACAAGTCAAA	1920
45	AAATTGCCCC AGAAATATTA ATTGACCGTA ATGGTAATGC AGAATCTATT AAAGTACTA	1980
	TAAACGATCT TGTCTTTGTG ACAAACGGTA GTATTACAGA AAGCTCTACT TATGGTGATA	2040
50	ATGATACACC AGCGCCACCA ACTGACGAAT TAGGTGGTAG TTGGACACTA TGGAAAAATT	2100
	TAGCGCGACA AAGTCTGAA TTTGGTAATC CTGATAAGTT TGCCAAAAT ATTCCTAAAA	2160
	AAAGTTGGTT TGTTCAGCA ACTTCTACAA CAAACAATA AGAGATTATC GATACAATAG	2220

55

GATTAAGTAT ATAGAGCACT ATTTTGTATT TGTTAATATT TTCACAAAAA TAAAGCCTTG 720  
 ATAAATTTTA AAATATAATT AAGCTCAATT TTTAAAATTT TATTTAGCTA CAGATAACAT 780  
 5 TTTTAAAAAA GAAAAGAATC AATAAATAAA ATCAACGAAC AAAAAGTATA GAAATAAATA 840  
 GAAATAATCA TTTACTTTTC TGAAAAATTA AATTAATATT TTATTTATAA GCTGTTTTTA 900  
 AGATTTTCAGG AGGAATGAAA TGTGaGGAAA TTTTCAAGAT ATGCATTTAC AAGTATGGCA 960  
 10 GCATTAACCT TGTGAGCAC TTTATCACCA GCAGCATTAG CGATTGATTC AAAAAATAAA 1020  
 CCAGCTAATT CTGATATTAA ATTTGAGGTG ACTCAAAGA GTGATGCGGT CAAAGCATTA 1080  
 AAAGAATTGC CTAAATCCGA AAATGTAAAA AATATTTATC AAGATTACGC TGTTACTGAT 1140  
 15 GTAAAACTG ATAAAAAGG ATTTACGCAT TATACATTGC AACCGAGTGT TGATGGTGT 1200  
 CATGCACCTG aCAAAGAAGT GAAAGTACAC GCAGACAAAT CAGGAAAAGT CGTTTTAATC 1260  
 AATGGGGATA CTGATGCGAA GAAAGTAAAG CCAACGAATA AAGTGACATT AAGTAAAGAT 1320  
 GACGCAGCCG ACAAAGCATT TAAAGCAGTT AAGATTGATA AGAATAAAGC GAAAAATCTT 1380  
 aAAGATAAAG TCATTAAAGA rAACAAAGTT GAAATCGATG GTGACAGTAA TAAATACGTT 1440  
 25 TATAATGTTG AGTTAATTAC AGTGACACCA GAAATTCAC ATTGGAAAGT TAAATTGAT 1500  
 GCTCAAACCTG GCGAAATTTT AGAAAAATG AACTTAGTTA AAGAAGCTGC AGAAACTGGT 1560  
 AAAGG 1565

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 528:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2870 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 528:

GGATAGGTAA ATCCATTCAA AATTGGTTGT ACTCATTTTA AATCATATTT TTTAATATAG 60  
 AAACACATAA TTAAAGGAGT GATGATATTA ATGAATAAAC TTCGAGACAC TACTTTTCTA 120  
 45 TCATATTTAT TTAATATCAT ATTGTGGGGA TCTGCATTTT CAATGATAAA GATTGCGTTA 180  
 AATGATTTTA GTGCAGAATC ATTGTCGGCA TTTCGTTTAA TTTTAGCAAC AATAATTCTC 240  
 TTGCCGTTTC TAATTATAAA GAAATTGCCT ACCCCTGAAC TAAGAGATAT CCCTGTTATT 300  
 50 TTTATTTTAG GATTTTGTGG ATTTGTGATA TATCACACAG CTTTAAATTT TGGTGAAaCT 360  
 TTGATTAGTG CAGGTATAtC TGGrATTcyA GTCTCTACAA CGCCTATTTT TTCTAGTGCT 420

AGTTTAAATT TCAACATCAT TTGTTaAGTA CATTTTGTGCT AAAGCTTTAA TTTCAGAGTT 480  
 AGTTAAATTA TGCTTTGCAT TTTTACCTAC AATTGGAATC ACGTTATCAA GTTTATCAAT 540  
 5 AGAATCAACT TCCTGTGCTT TTTGGAATAA AATCTTAATT AATTCCATTT GACGTTGTCC 600  
 ACGTTTTAAG TCTGAATCAT GATGTCTAGT TCTAGCAACT GCTAAAGCCT CATCACCATT 660  
 10 TAATTTTGG TACCCTTTTT TAATTTTAAT CTTACCAGTA TCATCTGTGT TAGGTTCAAT 720  
 TAAGTCGTAT GGCACATCAT AGTATATGCC ACCAAGCTCA TTTACAGCCT CGACAAATGC 780  
 TTTCATATTG ACTCTCACAT AATAATCAAC AGGTACATTC ATGGTAGCTT CTACCGAATC 840  
 15 CATTGCGGCA ATTGGACCAC CATATGCATG TGCATGGGTA ATCTTATCGT AATAGCCAAC 900  
 TTTAGGAATG TAGCTGATAG TATCACGTGG AATACTAAGC ATTCTAATTT GATGTTTGA 960  
 TTGATTAAAA GTAGTTAAAA TCATAGCGTC TGATCTAGAG TGTTCCAGCAT CCTGTCCTTT 1020  
 20 TTTTCTTCTT CCATCGTTAT CATCGATACC TAAGAAAAGA ATAGAGATAG GTTGTTCCTC 1080  
 GGGATGACTT TATTATCTCT TAAGTTGGAT TGACGTTAGC ATTTTGTCTG TCTTGAGAAG 1140  
 A 1141

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 527:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1565 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 527:

GCACCATTAG CATTGGGCnC ACTGATTGGA GTAnCAGTTG TTGAAAATTC GGCGCCAACA 60  
 AGTAAACmGG CmCaGGCaGC mATamCCCCa TATTATAcTT ATAATGGTTA TATTGGTAAT 120  
 40 AATGCTAATT TTATTCTGGA TAAGAATTTT ATTAACGCGA TTAAGTATGA TAATGTGAAA 180  
 TTCAATGGTA TTAAATTAGC TAAAACGAAT ACGATAAAAA AAGTAGAGAA ATATGATCAA 240  
 ACTTTTAAAG GTGTTTCTGC AAAAGGAAAC GAAGCAAGTC AATTGCAATT TGTAGTTAAA 300  
 45 AATAATATTT CATTAAAAGA TATCCAAAAA GCTTATGGCA AGGACTTGAA AAAAGAAAAT 360  
 GGTAAAACAA AGGAAGCTGA TAGCGGTATT TTTTACTATC AAAATGCTAA AAAGACATTA 420  
 50 GGCATCTGGT TTGTCGTTGA TCATAATAGA GTTGTGGAAG TAACAGTTGG ACATACACCA 480  
 TACAAAACAA GTAAATAAAA TAATGGCATA TTAAGGCTAG AGTGTGAGGA GTGATACCGC 540  
 ATTCTAGTCT TTTTATTAA ATAATAACGA TTATTGCGTC TTACATAGTT GTTTGAAATT 600

GCACTAAACT GSTATCCATTT GAATGAATGC CACTTGACGC AAGCCCTATA ACAACTTGTC 900  
 CCTCTTTTAC TTCTGAACCA TCTACATAGT CATCCTTTTC AACTGCTCCA ACAGCAAATC 960  
 5 CAGCTACATC ATATTGCGCT TCGTGATACA TTTCAACCCAT TTCAGCAGTC TCTCCACCGA 1020  
 TAAGTGCAGT ATTCGTTTCA ACACATGCAT CACTAATACC TTAAACAATT TGTTCATAA 1080  
 CTTCAGGAAC AACTTTGTTT GTAGCAATGT AATCTAAAAA ATATAATGGT TCTGCACCTG 1140  
 10 TCGTTAAAAT ATCATTAAAC CACATTGCGA CTGCATCGAT ACCTATCGAA TCATGTTTAC 1200  
 CATAGTCGAT AGCTAGTTTT AATTTGCTAC CTAATCCGTC TGTTCAGAA ACTAAAACTG 1260  
 GCGCTGtCAT ATTTAATTGT GATAAATCAA ATGTAGCACC GAATCCACCT AAACCACCGA 1320  
 15 TAACTTCTTT ACGCATCGTA CGtTTAAcaw GaCtAGaCaT TctTTctACA GCTTCATAAC 1380  
 CAGCATGAAT ATTTACACCA GATTGTTTAT ATGCTTTAGA CATTAAATT TCCCTCGCTA 1440  
 TCAAAAAAGT GTTTGTTTTT AGAAATATAT TGCTTTTGTC GATGACTTAA ATGCGCTTTA 1500  
 20 TAATTTGCTT CATAATCATA TAACCCTGCA GGATAATCTC CAGTGAAACT TTCTACACAT 1560  
 AAGCCACTAT ATGGCGCGTC ATAATCTAAA CCAATTGATT CAATTAAACC ATCTACAGAT 1620  
 25 AGATATGCTA ATGAATCAGC GCCAATATAA TCTTTAATTT CTTCAGGTGA TTTGCTTGCA 1680  
 GAAATTAATT CTGCCGTAGT TGAAACATCG ATTCCGTAAA AACTTGGAAT CATAAATTCC 1740  
 GGTGATGCTA TACGCACATG CACTTtATTT GCACCAGAAT CKTTTAACAT TTTCACAATG 1800  
 30 CGTCGAATTG TCGTACCGCG nACAATGGAA TCATCAACAA GACTG 1845

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 526:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1141 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 526:

TCATAAATnG TAAATGTTAA TCGTCATATA ATATTAATTT ACAACACCAT TTTGGTTATT 60  
 TGAAGCTTGT GGCGCTTGTT GTGTGCCACC TTGATTTTGA TTTGAGTTTT GATCTGTAGC 120  
 45 AGGTTGTTGT TGATTGCTGG AmtCACTGTT ATTAGTTGAm TCACTGTTCT CGTTAGATGT 180  
 CTTATCTTTA TCTGTCGTAT CATTGTTTTC TTTTCTCAAT AACTATTAT CTAAAGGCGT 240  
 TAATGGTATT AATGAACCAT AATGATTAAT GACACGTTGA TCTAAGAAAT CATTGTTTATC 300  
 50 ATTAATAGGT GATAATTCTA AGTCTTTACG AAGTAAGTTT GCATATTTTT GAATGCTTTT 360

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 524:

5 TTGTTGTCAG TTTAACGCAA CGTGTTACCG ACTTTTCAAG TACACAACAA TATATATGTC 60  
 TATTCCATTT TTAGCCCCcTG CCATTTTCAT CATTGGTGGT ATTATGTTGT TTATTTCAAC 120  
 ATTTAATAGC TTAGATGAAA CTGCTGAAAA TAATAACAAA ATAAAGAAAC TAATGATTAA 180  
 10 AGGACTTATC ATTATTAACA TTTCATTTAT CGTTATGATG GTTTTAACAC CATATTGGTA 240  
 CTTGTATTTA ATCGTCTATC TTATTTTCTT GTTGTTTTTA TTGTGGCAAA AGGTTTATAA 300  
 ATTTTAATAC CAAACTATT AAACACTTCT GATATTCTTA GTTCAAAATA TCAGAAGTGT 360  
 15 TTTATAGTGT TATCTAGTTC AGATAAATAT TTCCTTACTT AAAAAACGC CCTCCTCTTA 420  
 TTTTGACCCC nAT 433

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 525:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1845 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 525:

30 CCCCCACTAT GATATGCTTG GCCTATTGCG TCAATCCCCT TATATTTTCGG CAATAGAGAT 60  
 GGATGTATAT TCAATATTTT ACCTTCAAAT GAAGCTAATA AGTCTGGACC AATTAGACGC 120  
 ATGTAGCCAG CTAGAATAAT CCACTCTACC TTATCTTCAT TTAATAATGT TACTAAATGT 180  
 35 TGTTTCATACG CTGCTTTTGA ATCAAATTGT TTTGGTTCAT TAATATAAAC AGGAATATCG 240  
 TGCTTTTTTTG CTCTATCTAT ACAAACGCA TTTTGATGAT CCGTATATAG CGCCGTAAC 300  
 TCAATATTTT CAAGTTTTTC TGATTCAACA TGCTCAACTA TATTTkCAA GTTACTTCCT 360  
 40 GAACCTGATG CAAAATCGC AATTTTAACC ATTGTTATAC CCCCAACAAT TCAATTGCAG 420  
 TTGACTCATT TTTCACAATA TGACCAATTT GATAGGCTTC CACATTTTGT TCTGCTAAAA 480  
 TCTTCAAAGC GCGTGATACA TCTTTTTCAT CAACGATAAC CGTATAGCCA ATACCCATAT 540  
 45 TAAAAATGTT ATACATTTCA TTTGTGTCTA TATTGCCTTG TTGTTGTAAC CAATCAAATA 600  
 TTTTGGTGT TGGAATGAT GTAGTATCAA TTCTAGCAGC ATATCCGGCT GGCAATGCAC 660  
 GTGGAATATT TTCATAAAAA CCTCCACCAG TAATATGATT CATTGCCTTA ATAGAACTT 720  
 50 CTTTTTTCAA AGCAAGTACA GGTGACAT ATAATTTAGT TGGTTCTAAA AAGACATCGA 780

55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 523:

	TTAGAAGTCA AATCATTAnT GCGCTCnTAT CGAGTATACT ATTAAC TTCA ACTATTTT TAG	60
10	CAATTGCATA TATTTTAA TG GTTTAAACG GCCATATGAC aCTAACTTTG ACCTTAACGA	120
	CAATAATTAC AAGCTGTTTA ACCTTATTAA TATG TAGTAT TTTTATTAAT CCACTTATAC	180
	AAAAAATTAA GCAGTTTAAAT ATAAAAACTA AGCAATTTGC TAACGGAAAT TACGCAAGCA	240
15	ATGATAAAAC GTTTAATTCA CAAAAAGAAA TTTATGAATT AAATCAATCT TTTAATAAAA	300
	TGGCTTCTGA AATTACGCAA CAAATGAATC AAATTAAATC CGAACAACAA GAAAAAACAG	360
	AACTGATTCA AACTTAGCC CATGATTTAA AAACACCTTT AGCAAGCATT ATTT CATATT	420
20	CTGAAGGACT ACGTGATGGT ATAATCACTA AGGATCATGA GATTAAAGAG TCATACGACA	480
	TATTAATTAA ACAAGCAAAC AGATTATCAA CATTATTTGA TGATATGACT CATATTATCA	540
	CTTTAAATAC AGGTAAAACA TATCCCCCAG AATTAATACA ACTAGACCAA TTA CTTGAT	600
25	CAATATTGCA ACCATATGAG CAACGTATCA AACATGAAAA CCGCACATTA GAAGTGAATT	660
	TCTGTAACGA AATTGATGCA TTTTATCAAT ATCGAACGCC ACTTGAGCGT ATTTTAACAA	720
	ACTTACTTGA TAATGCGCTA AAATTTTCAA ATGTTGGTAG TCGCATTGAT ATTAATATTA	780
30	GTGAAAACGA AGATCAAGAT ACTATCGACA TTGCTATTAG CGATGAAGGT ATTGGCATT	840
	TACCAGAACT ACAAGAACGT ATATTCGAAC GTACATTCAG AGTAGAAAAC TCTCGTAATA	900
35	CAAAAACGGG TGGTTC TGGA TTAGGCTTAT ATATAGCTAA TGAAC TCGCG CAACAAAATA	960
	ACGCAAAAAT CAGTGTAAGC AGTGATATAG ATGTAGGAAC TACGATGACT GTAACATTAC	1020
	ACAAATTAGA CATTACGTCA TAATCCGATT TATTTATAAA ATAAAATGCA AAGACTAAAA	1080
40	AGAAGCTCCC ATTAATGAGG GCTTCTTTTT TTGTTTATTT AGAATAAACT TTATGGGTAT	1140
	CCTTCTCATC ATTTTCAAGA CTTGAAAGAT TTGTAGCTTG AATAATATAT TTAGGACGTG	1200
	CCTTAACTTC ATAATATATC CTGCCAATAT ATTCACCTAC AACACCAATT GAAATTAAC	1260
45	GTATGCCGCC TAATAATAAA ATAGCTGCAA TCGTTGAAAA ATATCCCGGA ATATTAACAC	1320
	CAGATATCAT AATATTGATG GAATAAATAG A	1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 524:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 433 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double

55

	TGTTAACAAT GGTGCGATTT ATATTAATGG TGAGAGACAA CAAGATGTTA ATTATGCTTT	480
	AGCACCAGAA GATAAAATTG ATGGCGAATT TACGATTATT CGTCGCGGTA AGAAAAAATA	540
5	CTTCATGGTT AACTATCAAT AAATATAATT GCATAGCTAA ATAAATTAGA GCCTACTCAT	600
	ATTCATTCTT AAGAATGTAA TGAGTAGGCT CTTAATGTAC TTTTCTGTCT GTAAATTATC	660
	TAAAGAAATC TCTATCGCCT TGGCCAGGTG ATTGACGTTT TGATCGGCTT TGACGTTTTG	720
10	GTTGTTCTTT TTGTTGTTTT AATTTCACTT TAACTTCTTT TGTTTTACCA TCACGGATAA	780
	CGGTAACAGT GACTGATTCA CCAGGTTTTT TATTTTCATA TAAATAGCTT CTTAAATCAA	840
	CATCATCTTT AATTTTCTTG CCATCAATTT CTGTAATAAT ATCACCTTTT TTAAGATCAA	900
15	TATCACTATC AGCTTTGGCG ACATAAATAC CGTCTTCTCT ATCAGTATGA AGTTGCTCGC	960
	GCTCTTCTTC AGGAATATCT TTCAAATTAA TTAAACCAAT ACCAATCGAA GGGCGGTCAA	1020
20	TTTTACCATG TTTTACAAGT TGTTCAATTG TTACTTTAAC TTCATTACTT GGAATAGCAA	1080
	ACCCGATACC TTCAACTTGT GTCGCAGCAA TTTTCATTGA GTTAATACCA ACTAAATTAC	1140
	CATTAATATC TACTAATGCG CCACCTGAGT TACCTGGGTT AATAGCAGCA TCTGTTTGAA	1200
25	GAACGCTAAC TTTTGTATTG CCACCAGTTG TCTCAGCGTC AATCGTACGT TCGCTTGCTG	1260
	AAATGATACC AGATGTTACA GAGTTAGCAA ATTGTAATCC TAATGGGTTA CCCATTGCGA	1320
	ATACGCTATC GCCAGTTTGT ACTTTTGAAG AGTTGGCAAA TTGAATCGCT TTAATACCTT	1380
30	TTGTATTTTC AATTTTAAGT ACAGCAATAT CAGTTACTGc ATCTTTACCA ACTAATTCG	1440
	CTTTAACTTG TTTTTTATTA TGTAATTGGa CTCTAATTTT ATTTGCGCCA TCAATAACAT	1500
	GATTGTTTGT AACGATATAA GCTGAATTGT TGTTTATTTG aTAGATAACA CCTGAACCTA	1560
35	CTCCAGCTTC AGATGGTTTA GATGATTGTC CyTTTAATAA GTCGTCTACA CTTGATGCTT	1620
	TTtGCATGtK AATAACTCCA ACAATTGTAG GGGAGACAGA TTTTATCATT TCATGAACGG	1680
	TACCGAATTT CTTGCTTTGA CCGTCTAATT GATTGCCACC TTTATTATTT GTTGTCTGAA	1740
40	CAGTTGAACC ATCTTTATTT AAAATTGTAC TATTTAATAC TTTGCCTATA CCAAGTACTA	1800
	GAAGTGCACC AATAATTCCA GCAATCAATG CAACGATGAC TGtTTTAAAC CATGGAAATT	1860
45	TAGGTCTTCT GTATCTAGGT GTTTGGCTAT GGTtTGTGT AGAATGATCT GTATGATTAA	1920
	AATCTGACAT ACTTAACCTC CATTATATGA TTTATATATG CTTTAATTAT GTCTTTtTT	1980
	TATAATT	1987

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 523:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1351 base pairs

GTTAGGTAAA ACATTTTATC AAAACTATAG AGATGATGTT GAAAGTTTAT ATAGTAAGTT 420  
 AGATTTAATT ATGGGATATA AAGATGAAGA AAGAGCAAAT AAAAAAGCAG TTAACAAAAG 480  
 5 GATGTTAGAA AATAAAAAAG AAGACTTAGA AACCATAATT GATGAATTTT TTAGTGATAT 540  
 AGATAAAACA AGACCTAATA ATATTCCTGT TTTAGAAGAT GAAAAACAAG AAGAGAAAAA 600  
 TCATAAAAT ATGGCTCAAT TAAATCTGA CACTGAAGCA GCAAAAAGTG ATGAATCAAA 660  
 10 AAGAAGCAAG AGAAGTAAAA GAAGTTTAAA TACTCAAAT CACAAACCTG CATCTCAAGA 720  
 AGTTTCTGAA CAACAAAAG CTGAATATGA TAAAAGAGCA GAAGAAAGAA AAGCGAGATT 780  
 TTTGGATAAT CAAAAAATTA AGAAAACACC TGTAGTGTCA TTAGAATATG ATTTTGAGCA 840  
 15 TAAACAACGT ATTGACAACG AAAACGACAA GAACTTGTG GTTCTGCAC CAACAAAGAA 900  
 ACCAACATCA CCGACTACAT ATACTGAAAC AACGACACAG GTACCAATGC CTACAGTTGA 960  
 GCGTCAAAC CAGCAACAAA TTATTTATAA TGCACCAAAA CAATTGGCTG GATTAAATGG 1020  
 20 TGAAAGTCAT GATTTACAA CAACGCATCA ATCACCACAA ACTTCAAATC ACACGCATAA 1080  
 TAATGTTGTT GAATTTGAAG AAACGTCTGC TTTACCTGGT AGAAAATCAG GATCACTGGT 1140  
 25 TGGTATAAGT CAAATTGATT CTTCTCATCT AACTGAACGT GAGAAGCGTG TAATTAAGCG 1200  
 TGAACACGTT AGAGAAGCTC AAAAGTTAGT TGATAATTAT AAAGATACAC ATAGTTATAA 1260  
 AGACCGAATA AATGCACAAC AAAAAGTAAA TACTTTAAGT GAAGGTCATC AAAAACGTTT 1320  
 30 TAATAAACAA ATCAATAAAG TATATAATGG GCA 1353

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 522:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1987 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 522:

GTCTGAGTCA GGTGCTGTTT GGTTAGATGC TGAAAAACA AGTCCTTATG AATTTTATCA 60  
 45 ATTCTGGATT AATCAATCAG ACGAAGATGT AATTAAATTC TTAAATACT TTAATTTCTT 120  
 AGGAAAAGAA GAAATTGATC GCTTAGAACA ATCTAAAAAT GAAGCACCGC ATTTACGTGA 180  
 AGCTCAAAAA ACATTAGCTG AAGAAGTAAC TAAATTTATT CATGGTGAAG ATGCATTAAA 240  
 50 TGATGCAATC CGTATTTTAC AAGCATTATT TAGTGGTGAT TTAAATCAT TATCAGCGAA 300  
 AGAATTAAAA GATGGATTTA AAGATGTGCC TCAAGTGACA TTATCAAATG ACACAACAAA 360



AATTGATGA TGATATTTGC TTTTATTTT CCAAATGGAA TTTACTTAAA CTGATGCATT 3000  
 AAAATATTAA TGAAGCACTA GAATACATAA ATGAATAGTa ATGGTGcACA GTATAGAATA 3060  
 5 ATTAAGGCTA TATTAAGTAT AAATATCGTT AACTGTAAGC TATCTTTAGT TTTAATATAA 3120  
 ACTATTAGGA TAATCGACGT AAGAAGAATC ATATATATTA ATGATGAAGA AGTCCATACA 3180  
 AAATCCGCAT CATTGTGTGT TAATAATGGG ACTATAATTA ATCCGAAATT AATCATGCAT 3240  
 10 GCTATATATA CTATAATGTT ATACACAATG TTAATTTTGT TTCACCACCT TATACTTCTA 3300  
 TTTTAAAAAC TTCTTTATAA TGATATATTG TTTAATGTTG AAATAATTAG ATTATCTAAT 3360  
 TTTCAATTGC TTTACATGTA AAAGGCTATA TATAGTATGC TCTTTATGAT TCTAAATGCT 3420  
 15 TTTTAATATT TAATGCTCAT CAACATTTGG ATTTTGAATA TTCAATTCAA AAACTTTATT 3480  
 AGCTACGTCA ATTGTAAAAT CAGAACCATA GTTGACATGA GCTACTTTTA ATTTTCCATC 3540  
 TAAATAATAG ATTGCGATTG CAACATCGTA AAATTCGTCA ATGACAAATA AACTCTTTTC 3600  
 20 GTTGTGTACA ACCTCATGCT CTCCTGAGTA TACAACGTTA ATTTCCCAAT CATTAAAAAC 3660  
 CATTTGTAA CCTCCTTGAA CATTTAATTT GATTCAACTT AAGTTTAACT TATTCATACA 3720  
 25 ACTTCGTACA ATATCTAGAT GAACATTAAT TGTATTTCTA GAAATCTTTT TCAATTATAT 3780  
 GTACTAATTA TACTTTTAAA TTTCTTATTT CAGTATAGTT TTAACGAT TTTAAAATAA 3840  
 TTCTGCAAAT ATATTAACAC ATAATGTGTT CAAAAAGTTT TGAACAATTT CAAAACTTT 3900  
 30 ATATAAGGG nTTGACAACA TGGATTCAA TnTCTTATTT TAAAAATTAC CTCATATAGT 3960  
 GTCATGTTAG CCAATTTTTA AG 3982

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 521:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1353 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 521:

45 AGCTTGGaTG ATTTAAATaTG GtCCtTTCCC AaCcTTAGAT AATGAAAGAT tTGATAATCC 60  
 TGAATATAAA GAAGCTATGA AAAAATATcA ACAGAGATTT ATGGCTGmAG ATGAGGCTTT 120  
 GAAGAAATTT TTTAGTGAAG AGAAAAAAT aAAAAATGGA AATACTGATA ATTTAGATTA 180  
 50 TCTAGGATTA TCTCATGAAA GATATGAAAG TGTATTTAAT ACTTTGAAAA AACAAAGTGA 240  
 GGAGTTCTTA AAAGAAATTG AAGATATAAA AAAAGATAAC CCTGAATTGA AAGACTTTAA 300

	TCAAAATCTT GTGAGAGAAT TTGAAAAAAC ACATACTGTC AGTGCACACA GAAAAGCACA	1200
	AAAGGCAGTC AACTTAGTTT CGTTTGAATA CAAAGTGAAG AAAATGGTCT TACAAGAGCG	1260
5	AATTGATAAT GTATTAAAC AAGGATTAGT TAAATAAAC TTCAATCGTT GCTGTTATCT	1320
	GGAAATAATT AATTAAATGT TATGTTAATT TTTGTTAATG AAAAAAGTAA TCTATTTAAT	1380
	GACAGGTAA TGTAATTGTC CTGAAATTGA CTATATACTC AGTAAGTATC AATTTTAAGG	1440
10	AGAGCTTATA ATGAAATTTA AAAAATATAT ATTAACAGGa ACATTAGCAT TACTTTTATC	1500
	ATCAACTGGG ATAGCAACTA TAGAAGGGAA TAAAGCAGAT GCAAGTAGTC TGGACAAATA	1560
	TTTAACTGAa aGTCAGTTTC ATGATAAACG CATAGCAGAA GAATTAAGAA CTTTACTTAA	1620
15	CAAATCGAAT GTATATGCAT TAGCTGCAGG AAGCTTAAAT CCATATTATA AACGTACGAT	1680
	TATGATGAAT GAATATAGAG CTAAAGCGGC ACTTAAGAAA AATGATTTTCG TATCAATGGC	1740
20	TGATGCTAAA GTTGCATTAG AAAAAATATA CAAAGAAATT GATGAAATTA TAAATAGATA	1800
	ATAAATAAAA CAGGTTGAGA CAAAAAATGG TCTTAACCTG TTTTCAATTT GCATATGTGA	1860
	TAAATTCTAT ATCAAAATGC TTATGTATAA TGAATGACAT TTAAAGTAG GGGAGACAAA	1920
25	TATAAATACA ATAGTTCCTA GGATTACTCT CAAATAACT ATATCAATTA TTTACTTTGC	1980
	TCTCCTATTT TTTAAATAT GTACATGTTT AAACAATCAA AAGTGTACAA TATTAAATTA	2040
	TCATTTCCAG TTCTAGTGCT ATATTGGTAG TAGTTGACTA AATGAAAATA AGCTTATAAC	2100
30	AAGTTTTTTC AATACTCGTG GGGCCACAAC AGAGAGAAAT AGGATCACCA ATTCCAACAG	2160
	ACAATGCAAG TTGGCGGGGC CCCAACATAG AGAAATTGGA TCACCAATTT CAACAGACAA	2220
	TGCAAGTTGG GGTGGGGCCC AACACAGAAG CTGGCGAAAA GTCAGCATAC AAAAATGTGC	2280
35	AAGTTGGCGG GGCCACAACA GAGAGAAATA GGATCACCAA TTCCAACAAA CAATGCAAGT	2340
	TGGCGGGGGC CCCAACATAG AAGCTGGCGA AAAGTCAGCT TACAAAAATG TGCAAGTTGG	2400
	CGGGGCCCCA ACATAGAGAA ATTGGAACCC CAATTTCTAC AGACAATGCA AGTTGGGGTA	2460
40	GGACATCGAT AAAGAAATAC TTTTCTTTA GCAATTAGTA TTTCTTATGC ATGAGCTTTA	2520
	CTCATGTATT CATTTTTTAA GTACaCATTa GCTACAGCTA ATGATAAAGA ACCACTACAT	2580
45	AATAAATCAT TAGTGGTTCT TTATCATTTT TATCTACTC TTTTACTGGA AGAAAAAGTT	2640
	TACGTTTGTA GAACATGCCA CAATACCAAA AATAATTAAG AAAAATAAGA CGATAAGCAT	2700
	GATGACACTT TTCAAACAAC CTCTATCAGT TTCTTTTCGAT TTTCTTTGTT GAACCTTTTT	2760
50	ATAATCTTCA AGTAGTTTTG CGGCTTTTTT ATTTATATGT TTATTCATGA TGTTGACTCC	2820
	TTATAATATA TGTTTAATTC ATTAAATAG TTGAAACAT GACTTGAAAT AAAGATATAA	2880

	TAGTAGCTCC AGGATTACAG ATTAATTGGT CTTCAATTAA AGGACTAAAA GAAAATATAG	2940
	GTAAAAATGG TGTGCTCT AACTATTCAC CTGACTATGT TAACgAAACT TGGAACCAAA	3000
5	TTTCTAATTT TAAACAAGGA AATGCCATTT TTACGCATCC AAACACTCCT ATAAAGTGTG	3060
	GAGGTGCgCC TATGAAAATT ATGTATTTAG CTGAAGATTA TTTTAGGAAA CATAAAATCC	3120
	GT	3122

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 520:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3982 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 520:

	ATAnAGATAT AnATnAATAT ATTGAGGTCA AACGATGATA ATTAAAATTT TAACAATTCT	60
	ATTACTACTT TGTATATTGA GCTATTTGGT TACAAATAGA AAGAAGCCTT TTCTGTTCTT	120
25	AAAGACACTC TTTATGGGTG TGGTATTTAT CTTTATAGGA TATATTTTAC TGGCAATATC	180
	TGCCGTAATT ATTTATGGTA TTATTCAATT TATCACAATT GATTTTGGTA GTTTTTTCTT	240
	AATGGGTATT ATATTGATCT TGATTTCAAG TATATTCCAA TTATTTATAG TTAGATTACT	300
30	TTTTAGAAAA AAGAATGTCG ATTTGACAGA GGTGTGCGTT TTAsAscATT TAATTCAATG	360
	GTTCTTAGTT TACTTTGCGA TCTATCAAGC AGTAAATGAA AAAATGGACA TTAATGATAT	420
35	TAATATCGAC AATTTCCAAT CTGTCITTTT TGACGTGTCT AATTTGAATT TAGTAATTCT	480
	ACCAACGTTA ATCATTAGCT GGGTCACAAT ATTTAACTAT AGAATGAGAA GTTACAAATA	540
	AAATCTATGA GATTATACCT TCAGACACCA ACATTCAAAT GGTGTCTTTT TTGTTGTGTG	600
40	GTITTIATTTT TGAAATTGCG AAAAGTAGAG GCATGAATTT TTTGACTAGT GTATAAGTGC	660
	TGATGAGTCA CAAGATAGAT AGCTATATTT TGTCTATATT ATAAAGTGTT TATAGTTAAT	720
	TAATAATTAG TTAATTTCAA AAGTTGTATA AATAGGATAA CTTAATAAAT GTAAGATAAT	780
45	AATTTGGAGG ATAATTAACA TGAAAAATAA ATTGATAGCA AAATCTTTAT TAACATTAGC	840
	GGCAATAGGT ATTACTACAA CTACAATTGC GTCAACAGCA GATGCGAGCG AAGGATACGG	900
	TCCAAGAGAA AAGAAACCAG TGAGTATTAA TCACAATATC GTAGAGTACA ATGATGGTAC	960
50	TTTTAAATAT CAATCTAGAC CAAAATTTAA CTCAACACCT AAATATATTA AATTCAAACA	1020
	TGACTATAAT ATTTTAGAAT TTAACGATGG TACATTCGAA TATGGTGCAC GTCCACAATT	1080

	TCATGGGTAT TCAGAAAGAA GAACTTAGAG ATGAAGTTGA GTACGGTGGT GTAGGCACTT	1140
	ATATTGGTGC TACTGAAAAT GCGAATCATA ATTTATTTAT CTAATTAAAT CTATTAATAA	1200
5	AAGGAGTTGT TATCATGTTT TTAAACAGT TTTACGATAA TCATTTATCT CAAGCATCAT	1260
	ATTTAGTGGG TTGTCAACGT ACAGGAGAGG CAATAATAAT AGACCCTGTT CGTGATTTAT	1320
10	CGAAATATAT AGAAGTTGCA GATTCTGAAG GTTTAACAAT TACACAAGCT ACAGAAACAC	1380
	ATATTCATGC TGATTTTGCT TCAGGAATTC GTGATGTGGC TAAACGCTTA AATGCAAATA	1440
	TATATGTGTC TGGCGAAGGT GAAGATGCAT TAGGGTATAA AAATATGCCA TCAAAAACAC	1500
15	AATTTGTTAA ACATGGAGAT ATCATTCAAG TAGGCAATGT TAAATTAGAA GTTCTGCATA	1560
	CTCCAGGACA CACGCCTGAA AGTATTAGCT TTTTACTCAC TGATTTAGGT GGTGGTTCAA	1620
	GTGTTCCGAT GGGATTATTT AGTGGTGA CT TTTTGTGTT TGGTGATATA GGTAGACCTG	1680
20	ATTTACTAGA AAAATCTGTT CaaATAAAgG GTTCTACAGA AATTAGCGCG AAACAAATGT	1740
	ATGAGTCCGT TCAAAATATT AAAAATTTAC CAGACTATGT TCAAATCTGG CCGGGTCATG	1800
	GTGCTGGAAG CCCTTGTTGGT AAAGCATTAG GTGCCATACC TATATCTACA ATAGGTTATG	1860
25	AGAAAATTAA TAACTGGGCA TTTAATGAAA TTGATGAGAC TAAATTTATT GAATCATTAA	1920
	CATCAAATCA ACCAGCACCA CCGCATCATT TTGCACAAAT GAAACAAGTT AATCAGTTTG	1980
	GTATGAATTT ATATCAATCA TATGATGTTT ATCCTAGTTT AGATAATAAG AGAGTAGCAT	2040
30	TTGATCTTCG TAGCAAAGAG GCCTTTCACG GTGGCCACAC AAAAGGAACA ATCAATATAC	2100
	CATACAACAA AAACCTTTATT AATCAAATTG GTTGGTACTT AGATTTTGAA AAAGATATAG	2160
35	ATGTAATTGG AGATAAATCT ACTGTTGAGA AAGCGAAACA CACTTTACAA TTAATTGGGT	2220
	TTGATAAGGT AGCAGGCTAT CGTTTGCCAA AATCAGGCAT TTCAACCCAG TCCGTTTATA	2280
	GCGCTGATAT GACAGGTAAA GAAGAACATG TATTAGACGT ACGTAATGAT GAAGAGTGGA	2340
40	ATAATGGACA CTTAGATCAA GCAGTTAATA TTCCGCATGG TAAATTATTA AATGAAAATA	2400
	TTCCTTTTAA TAAAGAGGAT AAAATATATG TACATTGTCA GTCAGGTGTT AGAAGTTCAA	2460
	TTGCAGTGGG TATATTGGAA AGCAAAGGTT TTGAAAATGT GGTGAATATT AGAGAAGGCT	2520
45	ATCAAGATTT TCCAGAATCA TTAAAATAAT TTAAGGATGT GGAAAAAATG AATAAGCATT	2580
	ATCAAATTGT TATTATTGGT GGCGGTACAG CAGGTGTTAC CGTAGCATCA AGACTATTAA	2640
	GAAAAAATCA AAACCTTAAAA GAGAAAATAG CAATTATAGA TCCAGCAGAC CATCATTA CT	2700
50	ATCAACCATT ATGGACGTTG GTTGGTGCAG GGGTATCTAG TTTGAAAAGT TCTCGTAAAG	2760
	ATATGGAAAG TGTTATACCT GAAGGTGCTA ACTGGATAAA ACAGGCTGTT TCAAGTTTTC	2820

ACATTTTTTA AAGAAAGTAA TAGTTATAAG ATGATATCTA AATCTATGCT AGATTACAGT 600  
 TGGATTGATG ATGTCAAAAA TTATAAATTT TTTAATAGTA AGTCAGATAT ATTGTTTATT 660  
 5 ATTGAAGGTG TATTGaTGTA TTTTGATGAG AGTGTAATGA CTCAATTATT GGACACTATT 720  
 ATCAAAAAGA TGGGAGATCA TAATTTGACA TTTGCGATTg AATTTTGCTC aAAAAACAATT 780  
 10 GCGAATAATA CmAAGAGACA TCAATCGGTA TCCAAGTTAT CCTCACCACC TGTTTTTAA 840  
 TATGGGTACC ATGATTTAnA AAAATTGGAT GAnATTTACC C 881

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 519:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3122 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 519:

TGAATaAAAA TATATTAATA GATAAACACA AATGTGTcCa AATACCCCTA GAGGTATTTG 60  
 25 ACnAGTTCCA TCCAAGTGT TAAATACCC CTACAGGTAT TTTTAGGGAG GTTATTATGA 120  
 AACAAACGG AGAAAaGTTT ATCGATGAAT TTAGTAAAGC AGAATTGGAA AACTAGCCA 180  
 AGCAAGGGCA ATTAATTGAC GTTAGAACAG AAGAGGAGTA TGCATTAGGA CATATCAATG 240  
 30 GTTCCATACT TCATCCTGTT GATGAGATTG AGTCATTCAA TAAAGAAAAA AATAAACCT 300  
 ATTATGTAAT CTGTAGAAGT GGTAACAGAA GTGCTAATGC TAGTAAATAT TTAGCTAAAC 360  
 AAGGTTATAA CGTTATAAAT CTTGATGGTG GTTATAAAGC TTATGAAGAA GAAAACGATA 420  
 35 GTTATGATAC ACAAGAAGAA TATAAAAGTA TAGAAATTAA AGCAGATCGT AAACAATTTA 480  
 ACTATCGTGG TCTTCAATGT CCAGGGCCAA TTGTAAAAAT TAGTCAAGAA ATGAAGAATA 540  
 40 TTGAAGTAGG TGACCAAATT GAAGTCAAAG TCACAGACCC TGGATTCCCT AGTGACATTA 600  
 AAAGTTGGGT GAAACAAACA AGGCATACTT TAGTTAAGCT TGATGAAAAT AACAATGGAA 660  
 TTAATGCGAT TATTCAAAAA GAAAAAGCAA AAGATTTAGA TATAAATTAT TCTGCTAAAG 720  
 45 GTACTACAAT TGTATTATTT AGTGGAGAAT TAGACAAAGC TGTAGCAGCG TTGATTATTG 780  
 CAAATGGTGC TAGAGCTGCT GGAAAAGATG TAACTATCTT CTTTACTTTT TGGGGGCTTA 840  
 ATGCATTAAA AAAAGTGCAA ACAGTTAATG TTA AAAAGCA AGGTATTGCA AAAATGTTTG 900  
 50 ATTTAATGTT GCCCAAAAAG AATATACGAA TGCCTCTTTC CAAAATGAAT ATGTTTGTTT 960  
 TAGGAAATAT GATGATGCGC TACGTAATGA AAAAGAAAAA TGTTGATTCA TTACCAACAC 1020

AACACATTCT TGGATTCCCTA AGCATAAAGT TGAATATTCT AACGAAAAGA TACCCTATAT 3720  
 AGAATGGGAA GAAGACGGAT TACTAACAAT ACAAGATAAT CCTTATATAG ACTACCAAGA 3780  
 5 TGTTTTAAAT TGGATAATAA AGATGAATGA GCATTATGTT GTCGAAAAAA TCACCTTATGA 3840  
 TAGGGCGAAT GCTTTTAAAT TAAATCAAGA GTTAAAGAAT TATGGCTTTG AAACAGAAGA 3900  
 AAcwAGACAA GGGGCTTTGA CCTTGAGCCC TGCaTTGAAG GATCTAAAAG AAATGTTTTT 3960  
 10 AGATGGGAAA ATAATATTTA ATAATAATCC TTTAATGAAA TGGTATATCA ATAATGTTCA 4020  
 GCTGAAACTA GACAGAAATG GGAAGCTGGCT GCCATCTAAA CAAAGCAGAT ATCGTAAAAT 4080  
 AGATGGTTTT GCAGCATTIT TAAACACATA TACAGATATT ATGAATAAAG TTGTTTCTGA 4140  
 15 CAAGGGTGAA GGAAACATAG mATTTATTAG TATTATAGAT ATAATGCGTT AAGGAGGTGA 4200  
 ATGTTATCGC AAAAGAGAAT ATTGTCACAC GCATAAAGAA AAAATTGATA GACAATTGGA 4260  
 20 TTGaTCAGTC AGCTTCTAAG CTTTATGACT TTAGCCCATG GAAAAATAAA TCTTTTTGGG 4320  
 GTGTAATCAA TAATACGCTT GAAACTAATG AAACGATATT TTCAGCTATT ACnAAGTTAT 4380  
 CTAATTCGAT GGCTAGTTTG CCCTTGAAAA TGTATGAAGA TTATAAAGTA GTTAATACAG 4440  
 25 AAGTATCTGA TThACTTACA GTGTCACCGA ATAATTCTCT GAGCAGTTTT GATTTTATTA 4500  
 ATCAAATTGA AACAATCAGA AATGAAAAAG GTAATGCATA TGTG 4544

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 518:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 881 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 518:

40 CATGGCAGAA TATTGAAGCT GTAAAAAAG GACATGTAAT TTCATATAAA GCAGAAGATT 60  
 ATTGGTTCAC AGATCCTATT ACATTAGAAC ATTTGAGAAG TAAATTAAAA AAAGAAATTT 120  
 TAAATAAAAA ATAATAGAAA TAAGTTGTAA AAATTTTCTT ATGCATTGGT ACTAATGTTT 180  
 45 TTAAGGAGTG ATTAAATGAA GCAACTGGTT GGAATTCCCG AATCAATGTT AATTCCTTTG 240  
 ATAGCTCGAG CAAAAGAGTA CGAAAACGAA AAACCAATAA TAAAAGACGC ACTATCAAAA 300  
 AAAATATTTG ATGGTTTAGA TGATATGTAC AAAAATGTTA CATGTGATGA CATGTCTCAA 360  
 50 ATTGGAATTA GTATACGTAC TGTGATAATA GATTGTGTTA CTAAGAGGCT TATCAAGGAT 420  
 AATAAAGATT TAATCGTGGT CAATATAGGT TGTGGCTTAG ATACAAGGTT TCAAAGATTT 480

	AGATAGCATT AGATAGGGAT AATCATCTTT GTCAAATGTG TTTACGTGAA GACATAGTAA	1920
	CAGATGCAAA CATAGTGCAT CATATTATTT ATGTTGATGA AGATTTTAAT AAAGCTTTAG	1980
5	ACTTAGATAA TTTGATGTCA GTTTGTTATA GCTGTCATAA CAAAATTCAT GCAAATGATA	2040
	ATGACAAAAG TAATCTTAAG AAAATTAGAG TATTAAAAAT TTAAATAAAA AAATAATTTA	2100
	TTTTTATAGC CCCCTACCCA TCGGCTTAAA ATGTTTTTTC GACGGGTACC GGCGGGGGCC	2160
10	CTTCGCTTGC AACGCGGATA AACTTTTATG AAAGGGGGTC TTTATATGAA ATTAACAAAA	2220
	AAACAGCTGA AAGAATATAT AGAGGATTAT AAAAAATCTG ATGACATATT AATTAATTTG	2280
15	TATATAGAAA CGTATGAATT TTATTGTCGG TTAAGAGATG AACTTAAAAA TAGTGATTTG	2340
	ATGATAGAGC ATACAAACAA GGCTGGTGCG AGCAATATTG TTAAGAATCC ATTAAGCATA	2400
	GAACTGACAA AAACAGTTCA AACACTAAAT AACTTACTCA AGTCTATGGG TTTAACTGCA	2460
20	GCACAAAGAA AAaAGATAGT TCAAGAAGAA GGTGGATTGC GTGACTATTA AAGTTTTTAA	2520
	TGAACCTTCA CCAAACTAT TAACAACATG GTATGCAGAG CAAGTCACTC AAGGGGAAAT	2580
	AAAAACAAGC AAATATGTTA AAAAGAATG TGAGAGACAC CTTAGATATC TAGAAAATGG	2640
25	AGGTAAATGG GTATTTGATG AAGAATTAGC GCACCGTCCT ATTCGATTCA TAGAAAAGTT	2700
	TTGTAAACCT TCCAAAGGAT CTAAACGTCA ACTTGATTA CAACCATGGC AACATTTTAT	2760
	TATTGGCAGT TTGTTTGGTT GGGTTCATAA AGAAACAAAA CTGCGCAGGT TTAmAGAAGC	2820
30	TTTGATATTT ATGGGGCGAA AAAATGGTAA AACAACTACT ATATCTGGTG TTGCTAACTA	2880
	TGCTGTTTCT CAAGATGGAG AAAACGGCGC TGAAATCCAT CTTTtagCAA ACGTAATGAA	2940
	ACAAGCTAGG ATTCTATTTG ATGAATCTAA GGCGATGATT AAAGCTAGCC CAAAGCTTAG	3000
35	AGAAAATTTT AGACCTTTGA GAGATGAAAT TCATTACGAT GCAACTATAT CTAAATTAT	3060
	GCCACAGGCT TCAGACAGTG ATAAGTTGGA TGGTTTAAAT ACACATATGG GCATTTTTGA	3120
40	TGAAATTCAT GAATTTAAAG ATTATAAATT GATTTCAGTT ATAAAAAACT CAAGAGCGGC	3180
	AAGGTTACAA CCCCTTCTTA TCTACATTAC GACAGCAGGG TACCAACTAG ATGGACCACT	3240
	TGTTAATATG GTAGAAGCGG GAAGAGACAC CTTAGATCGA ATCATCGAAG ATGAAAGAAC	3300
45	TTTTTACTAT TTAGCTTCTC TCGATGATGA CGATGATATA AATGATTCGT CGAATTGGAT	3360
	TAAAGCAAAT CCTAACCTAG GTGTTTCTAT CGATTTAGCT GAAATGAAAG AAGAGTGGGA	3420
	AAAGGCTAAG AGAACACCAG ATGAACGTGG AGATTTTATA ACCAAAAGGT TTAACATCTT	3480
50	TGCTAATAAT GATGAGATGA GTTTTATTGA TTATCCAACA CTTCAAAAAA ATAATGACAT	3540
	TATTCCTTA GATGAGTTGG AAGGTAGACC ATGTACTATA GGTTATGATT TATCAGAAAC	3600

55

	GGAACACCTA AAGAAAGAAA TGATGCATTA AACACAGAGG CTGATATCTA TGTAACCAAT	120
	AAAGAAAATA CTAAATGGTT ATGCGATCAA TATAAAAAAG AATGGCCATT TGATATGGTT	180
5	GTAATTGATG AACTGTCTAC ATTTAAAAGT CCTAAGAGTC AAAGGTTTAA ATCTATTAAA	240
	AAGAAATTAC CACTCATTAA TAGATTTATA GGATTAACAG GAACACCTAG CCCAAATAGT	300
10	TTACAGGATT TATGGGCTCA AGTTTATTTG ATAGACAGAG GCGAAAGACT TGAGTCTTCA	360
	TTCAGTCGTT ATCGAGAAAG GTACTTTAAA CCAACACATC AAGTTAGCGA ACATGTTTTT	420
	AACTGGGAGC TAAGAGACGG ATCTGAAGAA AAGATATATG AACGAATAGA AGATATATGT	480
15	TTAAGCATGA AAGCGAAAGA TTATCTAGAT ATGCCTGACA GAGTTGATAC TAAACAAACA	540
	GTAGTCTTAT CTGAAAAAGA AAGAAAAGTA TATGCAGAAT TAGAAAAAAA CTATATTTTA	600
	GAATCGGAAG AAGAAGGAAC AGTTGTAGCT CAGAATGGGG CATCATTAAG TCAAAAACATA	660
20	CTTCAACTAT CTAACGGTGC AGTTTATACA GATGATGAAG ATGTAAGACT TATACATGAT	720
	AAGAAGTTAG ATAAGTTAGA GGAAATTATA GAGGAGTCTC AAGGCCAACC AATATTATTG	780
	TTTTATAACT TCaAACATGA TAAAGAAAGA ATACTTCaAA GGTTTAAGGa AGCAACCACA	840
25	TTaGAGGATT CAAACTATAA AGAACGTTGG AATAGTGGAG ACATTAAGCT GCTTATAGCA	900
	CATCCAGCAA GTGCAGGGCA TGGATTAAAC TTACAACAAG GTGGGCACAT TATTGTTTGG	960
30	TTTGGACTTA CATGGTCATT GGAATTATAC CAACAAGCAA ATGCAAGATT ATATAGACAA	1020
	GGACAAAATC ATACGACTAT TATTCATCAC ATTATGACCG ATAACACAAT AGATCAAAGA	1080
	GTATATAAAG CTTTACAAAA TAAAGAACTA ACGCAAGAAG AATTGATGAA AGCTATTAAA	1140
35	GCAAGAATAG CTAAGCATAA GTAATGGAGG TATAAGATGG GAAAGGCATC ATACGATATT	1200
	AAGCCAGGTA CATTTAAATA TATTGAGTCA GAGATATATA ACCTACAAGA GAACAAGAAA	1260
	GAGATAAATA GATTGAGAAT GGAGATACTT AACCCAACGA AAGAGCTAGA CACTAACATT	1320
40	GTGTATGGAC CGTTGCAAAA AGGTGAACCA GTTAGAACAA CTGAACTAAT GGCAACAAGG	1380
	TTATTGACTA ATAAGATGTT ACGAAACCTA GAAGAAATGG TCGAAGCAGT TGAAAGTGAA	1440
	TACTTAAAGT TACCTGAAGA TCATAAGAAA GTAATTAGGC TAAAGTATTG GAATAGAGAT	1500
45	AAGAAGCTAA AGATAGAGCA AATAGGAGAT GCATGTCACA TGCATCGTAA TACAGTTACT	1560
	ACTATACGAA AGAACTTTGT TAAAGCGGTA cGwtATCATG CAGGTATCAA ATAACATTGT	1620
	GCAAAGATTG TGCAAAAGGC CTACAAATCT GTAGTAATAT GATAGTATCG GAAAGATGTA	1680
50	TAAAGTTATC TAAAAGTTAT ACGACACAAG TACACGAGGC ACATCGCTAT GCGtGTGTCT	1740
	TTTGTtATGC AATCAAAGAG GTGTAAGAGA TGACCAAGCA TAATAACATT TATAAGCATG	1800



TTTCATTAAT TGCCCTTATG ACAATCGAAC CTCAAAATAT AATAATATTT ATTTATTGGA 420  
 TTATGATGAC AATGCTTTTC TTTTGTGTTAA ATATGACTTC GATAGGTAAT GAAAAAGTTC 480  
 5 GCGTTATAAT GAAAAATAAT TGATTACATT TAAATATTC TAAATGTTGT CGACACAATC 540  
 CTTTTAAGAC GCTAGTAGAA TTTAAATGAC TTCTAATGTA TATGAAAGTG TATCAATATA 600  
 AAACCAATTG AAAAGAAGTG GAGACATTGC TTTGTGAAAC TGAAAATATT AATAAGAATC 660  
 10 CCAAATATAG AATTATCAAA TACAAAGATG AATATTTGAT GATTGATTTA GTAAGTACAT 720  
 GGTTAGCACT CTTTTTCCCA ATGATTAATT GGCTGATTCC AAAAAAGTAC GTCAAAATCA 780  
 15 GCGAAAAAGA TTTTGAAACT TTAAACATTG TG 812

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 516:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 526 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 516:

GTTCTATTAT TTCTTCCAAT GGTAATGGAT TTTCGTAAAA TGATTGATAT AAGTTGATAA 60  
 TCTCAATAAC TTTTAATTGA TCTGGAAACA TCGTTTTTTTG GAACATTATA CTGCGATTTT 120  
 30 CACTTTGTAA TAACTTGTCT TTATCAAATA TCTCACCAGA ATTAGCATTACATTACCAA 180  
 TTAATATATC AATTAACGTT GACTTTCCAG CACCATTTTT TCCAATTAAA GCGATACATT 240  
 35 TACCTTGTTT AATATCGAAC GAAATATTTT TTAGAACACA TCTTTTATTA AATGACTTGT 300  
 TGATATTAGA TATTTGAATC AATTTAATCA CCTCTATTTT TTTCTTAATT TAATATTAGT 360  
 AAATTTATTA GATTTAAAAT AGAACACTTT GTCATAGATT TGAAATGACA AATGTCATTA 420  
 40 TTAGATkTAC ATAATATATT TATCGTtATT TTAATTTTGG GCAAAATAAA AAGAGCCTCT 480  
 ATAATCGrGc TCCTTACAAA TAaATTATAA AAttGGCGAA cTAAAT 526

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 517:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4544 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 517:

CAGCTTATCA TTAATTTGAG AAGCAACTTC TCGCATTGCT TTAGTAGGTA AAGCCATTAA 900  
GTAAATATCT GCAAATTG 918

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 514:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 587 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 514:

CAATACTCGG TATTATAGAT AGTCCTACTA CATTTATATG GGTTTGTATC ATTACATTAA 60  
TTGCACATCA ACTTGAAGGT AATATCATTA CACCAAATGT AATGGGTAA TCTTTAAGTA 120  
TCCATCCTTT AACAAATTATC GTTGTTATTT TAGCAGCAGG AGATTTAGGT GGCTTTACAT 180  
TAGTTCTGAT TGCAGTGCCA TTATATGCTG TACTTAAAAC GGTTGTTAGT AATATTTTCA 240  
AATACCGCCA ACGCATTATT GATAAAGCAA ACAGTAATGT TAAGGACTAA TTCTGTGGAT 300  
GTCTTTTAAG AATATAAGAT ACTATCGCAT CAAAAGTTGA AACTACAGCT TTTGAGGCGA 360  
TTTTTTTGTG CATAAAAAAT CAGTCMAATG AAATATCAAA TAATTTTCCA TCAGTCCGAT 420  
TATTATAAAA GCAAAAAAGC TTTGCTCACA TATATAATAA CGTGAACAAA GCTGTTGAAT 480  
GATATTATTT AATTGCGTGG AATCCGCTAT CTACATGAAT ATTTTCACCT GTAACGCCAC 540  
TTGATAAATC ACTTAATAAG TAAGCCGCAG TTTTACCTAC TTCTACT 587

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 515:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 812 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 515:

GGTTCATTCC AAAAAAGTAC GCGATAATTA GCGAAGAAGA ATTTGAAAAT TTAAATGTTG 60  
TTAAACCAAA TAAAAATAAT GTTTTCTGGT CAGTTATAGG AAGTTCGGTT TTGTTTGGAG 120  
TTACTTTAAG GAAATACATA CATGTTTTTG ATGTTCAATT AGATAAGCTA GTTGTAATGA 180  
TATTGTGTGC TCTCGCTTTA ATTTGTGTGA TAGTTTTTTA TTTTAACTTA AATAGAAAGC 240  
TTAAGTTAAA AGTGTTTGAT ACAAATATTG AAAAAATATA GAGAGTTATA TAAAwACCAA 300

AATATTAATA TCACTAACCC TATAATGAAA AGATATACTG GATAGGATAA TACGGTGGCA 600  
 GATTCAGTTA AACCACGTAA ATTAAATATT AAAATAAAAA GTACAAGTAA ACATGCAATC 660  
 5 AGTtCKtTAT GCCCATATAA ACTTGGGAAT GCAGCAACAA ATGCATCAGC ACCAGATGAT 720  
 ATmCTAACAG CGACAGTCAG TATGTAATCG ACTAATAATG AGCCTCCTGC AAGCAATCCC 780  
 10 CATTTTTCTC CTAAATTGGT CTTGGACACC ATATACGCGC CGCCACCTTT AGGATATGCA 840  
 TAAATAATTT GCCTATAAGA CATAATTAAA GCAGCTAATA AGATCAGAAC AGCACCTGCA 900  
 ATCGGTAAAG TATACCAAGT TGCAACTGCA CCCACTACTG ATAGTGTAAT CAGTATTTGT 960  
 15 TCGGGACCGT AAGCCACTGA AGATAATGCA TCCGACGAAA GAATCGCTAA CCCTTTAAAC 1020  
 TTCGATATCT TTTCTCTTT TAGTTCTCTG TTTTTTTTAG GTTGCCCTAT AATAAGtCTT 1080  
 TTAATTGAT KGAcATAAtC TCCTATTCCT TTTTATAGTT TtNGATGGAA ATCAC 1135

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 513:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 918 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 513:

TTATGGTAAA ACTTTAACAC AAGCATTACA TAAATCGCAA TCATTTATGT GGCAAAAACG 60  
 TTGAATTTAA GCCATTTCTA TTCATTTTAC GTAATTATTA GCCGTATATG TGTAATAATA 120  
 35 CACATTTTAT TCAGATTTTT TATCGCGCTC CATTAAATCT TTTACGCATT CTTTTACTGA 180  
 GATATTTTCA AATAATACTC TATATAATGC ATTTGTAATT GGCATATCCA CATTTTTTTC 240  
 TTTAGCTAAA TGATAAACTG ATTTAGTTGT ATAAATACCT TCAACAACCA TATTCATTTT 300  
 40 AGATAATGCT TGATCCATTG ATTCACCTTG TCCAAGTTTA TATCCTAATG TGAAATTCCG 360  
 AGAATGTGTT GATGTGCAAG TAACGATTAA GTCACCGATA CCACCTAAAC CTAGAAATGT 420  
 CATAGGATCG GCACCTAACT TTTCACCTAA TCTACTAATT TCCGCTAAGC CACGAGTCAT 480  
 45 TAATGCAGCT TTTGCATTAT CACCGTAGCC AATTCCAGCT ACGATACCAC TTGCTACTGC 540  
 GATGATATTT TTCAATGCAC CACCAAGTTC AACACCAATC AAGTCATCAT TCGTGACAC 600  
 ACGCAAATAA TCATTCATAA ATAAATCTTG CGTTAATTTA CTTACACTTT TATCTTTTGA 660  
 50 TGAAGCAGCA ACTGTAGTTG GTTGCTTGAC TACAATTCT TCCGCATGAC TTGGCCCTGA 720  
 CAACACGCCA ATACCTGCAT TATATTCAGG TGAAATAGAA TCTTCAATCA TTTCTGACAC 780

AAGATATGCA TACCGTAATG ATAGATATAG TTTTAAACGT GACTTCAAGC TATATGAATG 1860  
 TGATGACTGT TCATCATGTT CTTTGAGACA TCAATGCATG AAGCCAAATT CGAAATCCAA 1920  
 5 TAAGAAAATT ATGAAGAATT ATAATTGGGA ATACTTTAAA GyCCAAATTA ATCAAAGCT 1980  
 TTCTGAACCA GAAACGAAAA AAATCTATAG TCAAAGAAAA ATTGATGTAG AGCCTGTTTT 2040  
 TGGATTTATG AAGGCTATTT TGGGTTTCAC TCGAATGTCA GTTCGAGGAA TAAATAAAGT 2100  
 10 TAAACGAGAG CTAGGTTTTG TATTAATGGC ACTTAATATA AGGAAAATAG CAGCTCAACG 2160  
 AGCTGTACAT TATAAAATAC ATATCAAAAA AGCTGATTTT TATCAAATAA TTAATAGAAA 2220  
 15 TCAGCTTTTT TACATTGCCT AAGAATTTAA TGTCCCAAGC CCTTTTTATC GAATAACTTA 2280  
 TTGTAAACCT TGTCTTTCTT GGTATTGTT TTCGTTATTT TTTTCGTGTT TTTGTTTCCA 2340  
 CTCTTTTTGA GTCATTACAT CGTCAACTTG CATGTTAACT TCAACTACAT CTAAACCAGT 2400  
 20 AATATATTTA ACTTGTTCTT TAACTAATTC AGTTACTTTA CGGAAGATTT TTGGTGCTGA 2460  
 TTCACCATAT TCTAAGATTA CTTTAAAGTC TACAGCAGCT TGTTTTTCAC CAACTTCAAC 2520  
 AGATACACCT TGAGTAACAT TGTTGCCACT TGAGAATGCA TTAGTGAATG TATCAGTTAA 2580  
 25 GCCACCTTTC ATATCTAAGA TACCTTTAAC TTCACGTGCA GCGATACCAG CAATTTTTTC 2640  
 AACAACCTCA TCAGAGAATG TTAATTTGhT TTTGAATTGA GGCTCCTGAT TTnGTTChTG 2700

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 512:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1135 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 512:

40 ATCAAATACA ATAATTAAAA TAaTGGCTAA TACaCCTAaA ATaATAATcG AGTTaGAGTA 60  
 GCCTAAGCGA yCACCcTAAC aGTArACATT CTAGGCATAT ATTTaTCTTT AGACATTGAA 120  
 GCCGCTAACA TCGGAAAAGC TGTAaATCCA GTGTTGGCTG CTAATACCAA AATCATCAGC 180  
 45 GTCGTTGCCT GTACAAAATA GAAGGCAGCA TTATCACCAA ATATTTGCAT AGCTAATTGT 240  
 GATAAACTG TCGTTTCCGT TTGTGGcAAA ATTCCATAAA CATATGCTAA ACCAACGATA 300  
 CCAACTAATA AAAACGCTAA AATTGAACCC ATAGCAATTA ACGTTTTTCAC AGCATTTTTA 360  
 50 GCACTTGGCT CTCTAAaATT GGTTACCGCA TTTGAAATAG CTTCAACACC CGTTAACGAT 420  
 GAAGCCCCTG ATGAAAATGC TTTTAATAsC AAGAATAATG TTACTCCAGG AACCGCAGTT 480

	AATCTAATTT TTCCTCCTAA TCTCGGATTG GATAGTGGTC AATTTTTCTG GCCCGCCATT	60
5	TTAGCGTTTG TTCTAACTGG GATTGGTTTA CCATTATTAG GTGTGATTGT AGGTGCACTT	120
	GATAAAGAAG GATATATTGG CGCATTAAAT AAAATTTTAC CTAAATTTTC AATATTGTTC	180
	TTAATCATCA TTTATTTGAC TATAGGACCA CTTTTTGCAA TACCTAGAAC TGCATCTACA	240
10	TCTTTTGAAA TGACAATTAC ACCAATTATA CATAGCAATA GTAGTATCGC TTTATTTATA	300
	TTTACGATT A TCTACTTCAT AGTCGTTTTG TATATTTGTT TAAATCCATC TAAGTTAATC	360
	GATCGTATTG GTTCATTATT AACACCATT A TTATTGATTA CTATTTTAGC GATGATTATT	420
15	AAAGGATACT TAGACTTTAG CGGTAATAGT GCTGGAAAGG GCAATGAAGC ACTATATCAT	480
	TCTAATTTTT CAAGTTTTGC TGAAGGCTTT ACACAAGGCT ATTTAACAAT GGATGCCATT	540
	GCAGCAATTG CTTTTTCAAT GATTGTTGTT AATGCAGTAA AACTAACAGG CATTACTAAA	600
20	ACAAATCAAA TATTCAAACA AACTTTGACT GCTGGTTTAA TTGCAGCCGT AGCTTTAATT	660
	TTTCATATATA TTTTCATTAGG TTATATTGGT AATCATATGC CAGTAAGTGA CATGACGTTA	720
	GATCAATTGA AATCCAAAGA TCGAAACATT GGGACATATT TATTAACGAC AATGGCTTCA	780
25	ACAGGATTTG GTTCATTTCG AAAATATTTA TTGGGCATCA TTGTGGCGCT GGCATGTCTA	840
	ACTACAGCAT GCGGGCTTAT TGTTGCAGTT TCTGAATATT TCCATAGAAT CGTACCTAAA	900
30	GTATCATACA AAGCATTTGT ATTAGTTTTT ATTTTAATGA GTTTTATTAT TGCTAACCAA	960
	GGTTTAAATG CTGTTATCTC AATGTCAATT CCGGTATTAA GCATTGTATA CCCAGTAGCA	1020
	ATAACTGTTG TATTATTAAT TTTAATTGCC AAATTCATAC CGACAAAACG CATTTACAA	1080
35	CAAATTCAG TTATTATCGT ATTTATATTG TCGATTTTCA GTGTTATTAG TAAGTTAGGT	1140
	TGGCTGAAAA TTAACTTTAT AGAATCATTG CCTCTAAGAG CGTATTCTTT AGAGTGGkTC	1200
	CCAGTAGCAA TTATTGCAAC GATATTAGGC TATCTAGTCG GCATATTTGT AAAACAAGAT	1260
40	CCAATTAAAT ATCAACAGGA ATAACGAATA ATATAAAGA GGTTGGGACA TAAATCCCTA	1320
	AAAAACAGC AGTAAGATAA TTTTCAATTA GAAAATATCT TACTGCTGTT CTCTATTTAT	1380
	ACAATACTTC GTATTGAATG GCTTCGCTTT CCTAGGGTGC CGTCTCAGCC TCGGTCTTCG	1440
45	ACTGGCACTG CTCCCTCAGG AGTCTCGCCA TTAATACTAC GTATTAACGT GTAATTTTAC	1500
	TTTGAAATAC TTTAAAAAA TAAGACACTT TGCCCAACTT GCACATAAAT GTAAAATTCA	1560
50	ATAAAATAAA TTTTCTGTGT TGGATCCCTT CGTATAATT AATAAATACT ACTAACTAA	1620
	ATTAACGAGG TGCCTTATGT ATAAAAATTA TAACATGACC CAACTTACAC TACCAATAGA	1680
55	AAC TTCTGTT AGAATTCCTC AAAATGATAA TACGCGATAT GTTAATGAAA TTGTTGAAAC	1740

TTCGTTTACT ATTGTTATTA TTTTATTTAA TAATGCCTCT AATCGTTCTT CTCTTTTTTC 1080  
 TAAATAaAGA AAACCTATCA CTGCTTCTAT CkCTGAACTT TTACGATATG TTTGAACATC 1140  
 5 AGTGTTTTTA GCTTTAGTAT GACTTTTCGC GTTACGCCCT CGCTTCAAAA TATCCATTTC 1200  
 TTCGTCTGTA AACCATTCTT GCTCCATTAA ATATTCTAAC GTTTGCGCCT GACTTTTGGC 1260  
 AGATACATAT TTTTtagaca TTTGATGTAG TTTATTAGGC TTACTTTTAA GCTTTAAaAC 1320  
 10 GATATAGGTA CGTACATATT GATCTAaGAC TGCGTcNCCC ATATATGCTA AGG 1373

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 510:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 717 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 510:

TCAAGTGCCA ACTACACAAC TGATTTACAT TCTTTAGGTC AATATGTACA AGAAGGCCGT 60  
 25 CGCTTCTTAT TCGAAACAGT TGTAAAAGTA AATCATCCTA AATATGATAT TACTATTGAA 120  
 AAAGATAGTG ATGATCTAGA CGGATTAAAT TATTTAGCTG GTAAAACAAT CGACGAaGTT 180  
 AACACAAAAG CATTCGAAGG TACATTATTA GCGCATACTG ATGGTGGTGT TCCTAACATG 240  
 30 GTAGTGAACA TTCCACAATT AGATGAAGAA ACTTTCGGTT ACGTCGTATA CTTCTTCGAA 300  
 CTTGCTTGTG CAATGAGTGG ATACCAATTA GGCGTAAATC CATTTAACCA ACCTGGTGTA 360  
 GAAGCATATA AACAAAACAT GTTCGCATTA tTAGGTAAAC CTGGTTTTGA AGaCTTGAAA 420  
 35 AAAGrATTAG rAGAACGTTT ATAAAATACA TTACTTCAAA GATTAGTGAA GTTTGAAAAG 480  
 ATAGAACTAG ACGTTAACTA TTAAAGCAT ATTTTCGAGG TTGTCATTAC AAATGTAAAA 540  
 40 ATGTAATGAC AACCTCGTTT TTATTTATAT GCAAGAACTA GGTTACTAGC TAaTGTGACA 600  
 AGATGTTAAG AGAAAATTAA aGATAAAATA ATATCTGCCT TACAATAATA TTGTTATACT 660  
 ACTAGnGACT GATTTATTAG CATGATTACA TGTTAATGTT TCTTTACTTA GTAATTA 717

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 511:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2700 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

GGCGGTAACA CGGGTTCGAG TCCCGTAGgA GTCATACAAG CAGAAGTGAA ATATCGCTTC 480  
 TGTTTTTTTTA TTACATATTT ATTGTTGAGG AAGGTTGTCC GAGCTGGCCG AAGaGCACGC 540  
 5 CTGGaAAGTG TGTAGGCGTC ACAAGCGTCT CAAGGGTTCG AATCCCTTAC CTTCGTAATA 600  
 GGcGCTTAAA TTGGTTTTAC CCATTTTAAG CGCTATTTTT ATTITGGACT CAATCCCTTG 660  
 10 ATATATCTGC ATTTGAGCTA TTATCCTCAT TTTTACACTT CTTATTTATT TATATCCATT 720  
 TAAAATTTTT TAGCCACAAT GTGACTAATT TTTGaTGAAT AATCCTAATT TTAGtCACAA 780  
 GATTTTGAAG TTTAGTCACA AAACAAATCA TTCAGATTTT TTTCyATAAA TTTAGTTTCA 840

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 509:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1373 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 509:

TTCTATGAAA CTATCAGCTG TTTCTTTTTT CTTGGTAAAA ATCGTTTTAA CGCCATGATA 60  
 CATGTATTCT CTTTCAaCAC CCGATTGGTC ATAAGCATCG AAAACACAAA TAATTTTCATC 120  
 TGAAATAACT GCATTATAAT TTGCAATTGC ATCTATTAAT TGCATTCTAG CTTCTTCTAA 180  
 30 ATTCTCTTTT GCAATGGCGC TTAGCGTTGG TGATTGTCCT ATCATATTGT ATCCATCAAT 240  
 GATTAAGTAA CGTTCTTTCA TTATATTTCT CCAACATCAT GTCTTTTTTCG AAATACTTCG 300  
 TACATCATTAA AACTTGCTGC AACCGAAGCA TTCAAAGTGT TTACATGTCC AACCATTTGGA 360  
 ATCTTAATAT AAAAATCGCA TTTATCACTT ACTAGGCGAC TCATACCCTG TCCTTCGCTA 420  
 CCAATTACAA TAGCCAATGA CATGTCCGCT TCTAGATTTT TATAATCTGT TGCATTATTA 480  
 40 GCTTCAGTGC CAGCTACCCA AAAGCCATTA TCTTTTAGTT CATCGATAGT TTTAGCTAAA 540  
 TTTGTCACTC GAATAACTGG TACATGTTCA ATTGCACCTG TTGAGGCTTT TGCAACTGTT 600  
 TGCGTTAGTG TAACTGAACG ACGTTTAGGA ATAATAACAC CATCAACTCC CGTTGCATCG 660  
 45 GCTGTTCTTA AAATTGATCC CAAGTTATGT GGGTCTTCTA AGCCGTCTAA TATAAGTACT 720  
 GTCAATAAAC CTTCTTTTTT TTTTGTCTGT TTTAAAAATT GATCGAAGTC AGCATATTCA 780  
 TATGGTGCAA TAAGCGCTGC AACACCCTGA TGTGGTGCAT TTGCTAAAAA ATCTAATTTA 840  
 50 GATTTTGGTA CAGTTTGAAC AATGATTTTT TGATCTTTTG CATTTTTTAA AATTTCAATTA 900  
 ATTTGTTGCT TTTTAATACC TTCTTGAATC AATATCTTAT TTAyCGGATG CCCAGTAATA 960

TTATCTTGGC AAGAAAGCAG AGACAAACCG CATTACTGGC ATTTCTAGTA AACCACCTAT 240  
 TTTACTAACA CCATTATTTT CAACTTATTT TTTCCCAACA CATTCTGACA GACAAAATGA 300  
 5 AAATATTTGG TTAAATATGC ATTATATCGA AAGTATTAAA GAATTAAAAA ATCGTAAATG 360  
 TAAAGTGACA TTTATTAATA ATGAATCAAT CATTCTTCAT GTTTCATACC ACAGTTTATG 420  
 GCATCAATAT AACAATTCCA TTTTTTACTA TTACATGGTA GATAACAAT CTCGCATGAT 480  
 10 ATCAAAAAAT CCCGACCAAC CAATAGATTA TAATAAGCC ACATTGAATG TGTTTGAAGC 540  
 ATTGACACGC TATTCTTTAT TTGAAGATAA ATAAATTGTT TATTTTTTAAA ATATGCGGAA 600  
 TGTTTTATAA ATATAGTGTA AATGTTCTGC ATATTTTTTTT AAGGTATCTA TTGCAAATTA 660  
 15 ACTTAATCTT GTTATAATAA TATTTGTGCT TGaTATTCAA ACACATACAA ATTAATCCAC 720  
 AGTAGCTCAG TGGTAGAGCT ATCGGCTGTT AACCGATCGG TCGTAGGTTC GAGTCCTACC 780  
 20 TGTGGAGCCA TTGGAAACGT ACTCAAGTTG GCTGAAGAGG CGCCCCTGCT AAGGtGTAGG 840  
 TCGCGAAAgG CGCGAGGGTT CGAATCCCTC CGTTTCCGTT ACTTGCTAAA ATGGTATATA 900  
 CCATTTTAnC TTTTTTGTTT ACTTATATAT AATGAATGAG AATTTCACTG TTCTTTTATA 960  
 25 TCAATTTTAA AATTCTAAAA ACCTTTCCTA GATAATCTTC TCTAAGAAAG GTTTTTATAC 1020  
 TTGTTGAACT TATAATTAAT TTATTACATA GCAATATTTA CCTGTTTTTA ACTATAAAAT 1080  
 TATCACTACA TGAAATACGA TAATTCGGaT CTCTTAACTT CTCTGCaATT AATGtACTCA 1140  
 30 TTGgTTTCAT CGTATGATTC ATGTATAATA GCATTTkTTA AATAATTC 1188

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 508:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 840 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 508:

CCCAACTTCG GTTATAAGAT CCCTCAAAGA TGATGAGGTT AATAGGTTCG AGGTGGAAGC 60  
 45 ATGGTGACAT GTGGAGCTGA CGAATACTAA TCGATCGAAG ACTTAATCAA AATAAATGTT 120  
 TTGCGAACAA AAtCACTTTT ACTTACTATC TAGTTTTGAA TGTATAAATT ACATTCATAT 180  
 GTCTGGTGAC TATAGCAAGG AGGTACACACC TGTTCCCATG CCGAACACAG AAGTTAAGCT 240  
 50 CCTTAGCGTC GATGGTAGTC GAACTTACGT TCCGCTAGAG TAGAACGTTG CCAGGCATAA 300  
 TATTAATCCA CAGTAGCTCA GTGGTAGAGC TATCGGCTGT TAACCGATCG GTCGTAGGTT 360



TTCGTTATCA AATAACAAAT AAATAAGTAA GACAATTTTG AAAATGAGTT GTGTTTCATTC 5460  
 TGCTACAAGG ACTTTGCACT TAATCGAAAT TATTTTTTAT TCTTTTGAAA ATCAAAATAC 5520  
 5 TATAGTTGCA ATGTACCAA TTTGAAGAAG TATAAATAAC CTTTAACTTC TTTATTAAGA 5580  
 ATCGTTTGAA GCGTATTTTG ATAATATTTT ATCTGTATCT TATATTTATT TTTAATTGT 5640  
 10 GTACCAATTT CTTTCATCTGT CATCCCACGG CGACGATTAA ATGCATCGGT TTTATAGTCT 5700  
 ACAAATAAT GCACACCATC TTTAACAAAG ATTAAGTCAA TCATACCTTG AATAATTGAG 5760  
 ACG 5763

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 506:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 422 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 506:

25 CCATATGATT TTGTGCAATA ACTCTTTTTC TTCTTCTTT TCGTAAAAAG TTGTACATCG 60  
 CTTTGTGTT TAAGAGACTA TTGTTTCTT TAGGTTTTTG AACTTCACTC AGTGATTTTC 120  
 TAGTTGTTAA CACTAAAT CCAACTGTTG TATCTTTGTA TCTAGCCATA ACTTTATTCA 180  
 30 GATGTTTGTC ATTTGTAATA ACTACGACAT AATTAAACAC TTCATAATAA TCATTAATTT 240  
 GATTATCTAA TCTATCCAGC TTATCTAATT CTGTTTAAAT CTCATAGACA ACGCCTTTGC 300  
 35 CGTTTAACAA TATAAATCA GCaATACTTT TCCCTATGGG CATCTCAGAA AGTGCAAGTAG 360  
 TTGTATTAAT AGAATGTCGT CCTAGAAGGA GTKATTAAAG TATnGTGTTT TTGTAAAAAT 420  
 AT 422

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 507:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1188 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 507:

50 GCTTATGTAT TCTCAAAATA TTTATGTGAT ACGCAAAGGA GACATGGTTA TTCGACCAGC 60  
 ATTTGATGAT GACGATCAA GAAACGGTAG TGAAATAATT CGGTTTGACA AAACGCGTAT 120

	GTTAGAATTA	TGTTGGACTG	GTACTACTAT	CCAGTCCATT	TTTTATGTTT	AACATTTTTA	3660
	GAATCAAAAA	AGACATAAGG	TCTTGGACTA	ATAATTGTCC	ATGCCTTATG	TCATATACTA	3720
5	TATGTCTTAT	CAATTAGCCA	ATACCGAATA	ATTTTGATAT	AGGSCCTAAC	GGTAGAATGA	3780
	CACCTAATAC	CATTGTGATG	ATAATTAATG	CAATTGTTAT	CCAAAACATT	GTGTGACTTT	3840
10	GTTCAATGTCT	CTTTCTTTTA	GCAATCGACA	CTTCCATCAA	TCCAACACT	GCAACACCAC	3900
	ACAGCATTTT	CAATGTAAGC	AACATATGAT	TTGCCCCGCC	ATTCATAAAT	GACTIONAATTA	3960
	ATATCCAAAA	TCCTGAAATT	AACGTCAACA	GCATAAATAA	GCGTAAAATC	ATGTGCAACG	4020
15	GTTTGAAAAA	TGGTGATCTG	CCTTGATTTT	TTGAAATGTT	TAAGTATGTA	GCGATAAATA	4080
	AAATAATCGC	TAATACCCAA	CTTAATATAT	GTAAATGTAA	CATACTGATT	CCCCCACTT	4140
	TAATTATTTA	TATTATTAAA	TTAAAGCTTC	TTGGGATTAA	TACCCACTTG	CTTGTAATTT	4200
20	AATCATGATT	TGATTATACA	CGAATATATA	TTCTACCACA	CTTCTATATT	TGAGAGGAAG	4260
	AACATGACAT	TTTATTCCTT	ATTAGAATAT	TGTGAATCTG	CTGTAAAATA	ATCAACTACT	4320
	TCTTAATATC	AATATTTTAC	TTTCATCTCA	AAATGGTAAC	ATTATAAATA	ATTTATCTTT	4380
25	AACACCTTTT	TAGAAAAGCA	AGAAAAAACT	AACCAATCTA	TATAAAGACT	GGTTAGCTTT	4440
	TTAAATGATA	ATTATTTAGC	GATATAAGTT	GTCAGCGTTC	CAATATTATC	AATAGTCACT	4500
	TTAACTTCAT	CACCTGGTTG	TAAAAATTTA	GGTGGTTGCA	TACCTGCACC	AACGCCTGCT	4560
30	GGTGTACCAG	TTGCAATAAT	ATCTCCCGGA	TGTAGTGCAA	CATATTTTGA	AATTTCTTCT	4620
	ATTAATTCAT	CAATTTTAAG	AATCATTTTCG	CCAGTGTTAC	CATCTTGTCT	AATTTCAATTG	4680
35	TTAACTTTTG	TAACAATATT	TACATTTTCA	GGTAATGGTA	GTTTCGTCTTT	AGTAACGATA	4740
	TAAGGACCCA	TTGGGCAACC	GCCAGTTAAA	CTTTTGTGATA	AAAATGCTTG	ATCTTGTTC	4800
	CTTTGTGCTT	TGCGATCAGT	GATATCGTTA	ATAATTGTAT	AGCCGTAAAC	ATAATCTAAA	4860
40	GCTAATGCTT	TTGGAATCTT	TTCAACAGAC	TTACCAATAA	CAATACCTAA	TTCACCTTCA	4920
	TAATCTAATT	GATCAGTAAT	ATCTTTATGA	TTTGGAATTG	TTGCATTATC	TCCTGTAAAA	4980
	GATGACGCTG	CTTTTGTA	TACATATAAT	TTTTCCACTT	CATGATTTAA	TTCGTTGCA	5040
45	TGATCTTTGT	AATTTCTACC	AAAAGCAATC	ACATTATTCG	GAGGTGTTAC	TGGTGGTAAA	5100
	AATTCAATGT	CATTAAATGA	AATTTTATAG	TCTTCAGCTT	TGCCGCTATC	TTCTGCTGCT	5160
	ACAACTGCTT	TACGTACTTG	TTCTTGAAAA	TCTAAAGTAT	GATTTTGTG	TAAACCAGCT	5220
50	AACAATGTTT	TAGGATGGAA	ATCTCCTTCT	GCAAAGTCAG	CAAATACTTG	TGTTAAATCC	5280
	CATACAGCAT	CTTCGCGTTT	TACTTTAACG	CCATATGAAG	TTTTGTGATT	ATACTTGAAT	5340

55

	AAGAATCCCC TACCTCAATT TTAATTGAAG CCGAAGAAAG TAAAATACCT GAAATCAAAA	1860
5	ATATGCTTAC TCATTTTTAT GCCGATCATA TTGAGCATCG ACGCTGGGGC GCACCATTCC	1920
	CTGTCATTGA AATTGTAAAA CTTGGTATTA ATAAAGCAAG AGGCATTGAG CAAGTTAGAC	1980
	AATTTTTAAA TATTGACCGA AATAATATTA TTGCATTCCG TGATGAAGAT AATGATATTG	2040
10	AAATGATTGA GTACGCGCGT CACGGTGTTG CTATGGAAAA TGGTTTGCAA GAACTTAAAG	2100
	ATGTAGCGAA CAATATTACA TTCAACAATA ATGAAGATGG CATTGGTCGA TATTTGAATG	2160
	ATTTCTTTAA TTTAAATATT AGATATTACT GTTAATTTAT AACTAATCAT TTTATAATAT	2220
15	TTTAAACAA TAGGAGGTAA GTTACGATGC CCAAATAGT CGTAGTCGGA GCAGTCGCTG	2280
	GCGGTGCAAC ATGTGCCAGC CAAATTCCGAC GTTTAGATAA AGAAAGTGAC ATTATTATTT	2340
	TTGAAAAAGA TCGTGATATG AGCTTTGCTA ATTGTGCATT GCCTTATGTC ATTGGCGAaG	2400
20	TTGTTGAAGA TAGAAGATAT GCTTTAGCGT ATACACCTGA AAAATTTTAT GATAGAAAGC	2460
	AAATTACAGT AAAAATTAT CATGAAGTTA TTGCAATCAA TGATGAAAGA CAACTGTAT	2520
25	CTGTATTAAA TAGAAAGACA AACGAACAAT TTGAAGAATC TTACGATAAA CTCATTTTAA	2580
	GCCCTGGTGC AAGTGCAAAT AGCCTTGGCT TTGAAAGTGA TATTACATTT AACTTAGAA	2640
	ATTTAGAAGA CACTGATGCT ATCGATCAAT TCATCAAAGC AAATCAAGTT GATAAAGTAT	2700
30	TGTTGTAGG TGCAGGTTAT GTTTCATTAG AAGTTCTTGA AAATCTTTAT GAACGTGGTT	2760
	TACACCCTAC TTTAATTCAT CGATCTGATA AGATAAATAA ATTAATGGAT GCCGACATGA	2820
	ATCAACCTAT ACTTGATGAA TTAGATAAGC GGGAGATTCC ATACCGTTTA AATGAGGAAA	2880
35	TTAATGCTAT CAATGGAAAT GAAATTACAT TTAAATCAGG AAAAGTTGAA CATTACGATA	2940
	TGATTATTGA AGGTGTCGGT ACTCACCCCA ATTCAAATTTATATCGAAAGT TCAAATATCA	3000
	AACTTGATCG AAAAGGTTTC ATACCGGTAA ACGATAAATT TGAAACAAAT GTTCCAAACA	3060
40	TTTATGCAAT AGGCGATATT GCAACATCAC ATTATCGACA TGTCGATCTA CCGGCTAGTG	3120
	TTCTTTAGC TTGGGGCGCT CACCGTGCAG CAAGTATTGT TGCCGAACAA ATTGCTGGAA	3180
	ATGACACTAT TGAATTCAAA GGCTTCTTAG GCAACAATAT TGTGAAGTTC TTTGATTATA	3240
45	CATTTGCGAG TGTCGGCGTT AAACCAAACG AACTAAAGCA ATTTGACTAT AAAATGGTAG	3300
	AAGTCACTCA AGGTGCACAC GCGAATTATT ACCCAGGAAA TTCCCCTTTA CACTTAAGAG	3360
50	TATATTATGA CACTTCAAAC CGTCAGATTT TAAGAGCAGC TGCACTAGGA AAAGAAGGTG	3420
	CAGATAACG TATTGATGTA CTATCGATGG CAATGATGAA CCAGCTAACT GTAGATGAGT	3480
55	TAAGTGAAGT TGAAGTGGCT TATGCACCAC CATATAGCCA CCCTAAAGAT TTAATCAATA	3540

ATAATTAACA TCTTTTGCTA TATACCACCA GTTTGATACA TAAAATATCG CAGCAATAAT 60  
 ATCATGTTTA ACCCTAATGA TATTATCTGA TTTTAATAAT AAGGTTGCTG TCCCTACAAC 120  
 5 CATTAATAAA ACTATGACTG CTGGTAATAA ACGTTTTAAA CGACGTATCC AAAAGCTTTT 180  
 CAATTTAATG ATACCTGTGT CATCATACTC TTTGAGTAAT AAGCTTGTA TAAATAACC 240  
 AGAGATCACA AAAAATGTAT CCACACCTAA AAAGCCACCT GtCAACCATT GCTTATTTAA 300  
 10 GTGGTAAATA ATAATTCCTA GAACAGCGaT TGCCCTCAA CCATCGAGCC CTGGAATATA 360  
 TCTCATTTTC TTATACTTG TAAAACCCCT TGTTTTGTTT ATTTTTCAT TCTTCCCTTT 420  
 TAAAACTGTT CTTCTTAGAT GCTTAATTAA ATTTAGTTAT GCTGTTTAAA AGAATATTGA 480  
 15 AATGCATATG TATATTATTG AATTACGACA TCATCAAAT CATATTGACT AAAATACTGT 540  
 TAAATTAAAA AAATTACCA TGATGATTCT TACTTCGAAA TCCAATTTGT AATGCAACTC 600  
 20 GGCAACTTAA AAATATGAA GTATTATGTA TTGTAATATA ACTGTAATAT AAATTCAATT 660  
 TATTATAAAA ATTTTCAAGA AAATATTCAA CTAGAAAATG AATTGTGCAC TCTTGGAAGT 720  
 GCAAGTCACT GTCTTAATTC ATATTTTTTG AAACAAGTTA GATATAAATT TTCAAAATAA 780  
 25 AATCAGAAAC TAGAACATAA ATAAGGCTCC CTTCAAATTTTC AATGTCTACT 840  
 TTGAAGGGAG CTTATTCACA ATGAATTATA CTCTACAATG TTATATTGAC TGCGGGCCCA 900  
 AACACAGAGA ATTTGAAAA GAAATTCTAC AGGCAATGCA AGTTTATGTT AGCTCACACC 960  
 30 AAGTGCAATC TTAGCGTAAC GTGACATCAT ATCTTTTGTC CAAGGTGGAC TCCATACGAT 1020  
 ATTCACTTCA GTATCCTGAA TTTGAGGAAT CTCTGCTAAT ACTGTTTAA CTGATCAAT 1080  
 AATTTGAGGT CCCATTGGAC ATCCCATTGA TGTTAAAGTC ATATCAACTG TACATACGCC 1140  
 35 TTCATCATCA ACATTCACTT TGTATACTAA ACCCAAATTA ACGATATCAA TTCCTAATTC 1200  
 AGGGTCAATT ACCATTTCTA ATGCACCTAA GATACTATCT TTCAATGCCT CTCCATCCA 1260  
 TATCACCTCT TTAATGTCAT ATTATTCATA ATATATCAAA TATCCGACAA AACGCCAATA 1320  
 AAATGCTATG ATGTATCTAT ATGAACTAAG CAACTTATGA GGAGAGAGAT ATGCAACCAC 1380  
 ATTTAATATG TCTAGACTTA GACGGAACAT TATTAAACGA TAACAAAGAA ATTTATCAT 1440  
 45 ATACTAAACA AGTATTAAAT GAATTACAAC AACGTGGaCA CCAAATTATG ATTGCGACTG 1500  
 GCAGACCTTA TCGTGCAAGT CAAATGTATT ATCATGAATT AAATTTAACG ACACCAATTG 1560  
 TTAATTTTAA TGGCGCTTAC GTACATCACC CTAAAGATAA AAACCTTCAA ACTTGCCATG 1620  
 50 AAATTTTAGA TTTAGGCATC GCACAAAACA TTATTCAAGG ATTACAACAA TATCAAGTAT 1680  
 CGAATATTAT AGCAGAAGTG AAAGATTATG TTTTCATTAA CAATCATGAT CCAAGATTAT 1740

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 504:

5	AnCCTGACAA GATTCTTATA TTCATAGATA TGAGAGCTAA AAATGAAATC AACAAACAA	60
	CAATAAAGTA AACGATAATA GCCCATATAC CATTTTGTAA CCATATTACA AATTGTGTTG	120
10	TATTATAGCC ATTTCCAGCT AATAATTGCT GGATAAATGC ATTATTGTTT AATGTATTTT	180
	CAAGATTAGC AATCGATGTG TTATTACTGA ATGAAACAAG TGCTATAAAC ATCGTAATGA	240
	CAGTAAGCAC TAATAACATC ACCCAACATA ACCAACCTAG AACTTTTTCA GTTAATCTAC	300
15	TTACTGGACG TTAAATTTGA GTAAATTGTT CTCCAGTCAT TCGTTACAAC TCCTTATAGT	360
	ACTTATCCCG TTATTATAAC TAAATATACA GTAAATAACT ACTATTTATG ATTTTATTTT	420
	AATGACATTT TGAAATTCAA AAAGTTTTCA TTGTATTCAC TTA AAACTTC AGGTCCTAAA	480
20	TCTTTATAAA CTTCAAGGCG TTCTTGCTCT TTCTTAGTCG GATAAAAACG ATGGTCGTCT	540
	TTAATCTCTT TAGGCAACAA TTGTCGAGCA GCCTTGTTTG GCGTTGCATA GCCTACGAAT	600
	TCTGTATTTT GCTTGTTATT TTTAGCATCT AATAAAAAAT TCATAAATTT ATATGCACCC	660
25	TCTTTATTTT GTGCCGTTTT TGAATTACC ATATTGTCGA ACCATAAATT CGATCCTTCT	720
	TTAGGAATAA CATAATTATA TTTATCCCCT TCTTGCACTA GAGGTGCTGC AACACCACTC	780
	CAAACAACCG CTATGTTACC TTCATTTTGT TGAAGCATCA TGGTAATTTT ATCACCTACG	840
30	ACACCTCTTA CTTGTGGTGC TAGTTTGGTT AAATCTCGCT CTGCTTCTTT TAAATGGTGC	900
	GAATTACGGT CATTAGATT ATACCCAAGT TTATTCAAAC TCATGCCTAT AATCTCTCTA	960
35	GCACCGTCAA CTAGTAAAAT TTGGTTTTTA AATTTAGGAT TATACAATGA CTTCCAATA	1020
	TCAAATGATT CATTTGGATA CTTTTCTTTA TTATATAAAA TACCTACAGT TCCAAAGAAA	1080
	TAAGGTAAAG AATATTTATT GCCTCTATCA AATGACATAT TCATATAATC TGAATCTAAA	1140
40	TTTTTAATAT TAGGTACCTT ATTATGATCT ATTGGTAACA ATAAATGATC TCTTTTCAAT	1200
	TTTTGAACTG nATATTTCACT AGGAnAAGCA ACATCATAAT GTGTACCGCC AGTGCGAATT	1260
	TTGGnGTCCA nCGCTTCATT TGAA	1284

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 505:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5763 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

TTTGATCAAC ATCTTGCTCA TTCACATACA TAATTACAAA TTTACGATCT CTATTTGAAT 1740  
GAACG 1745

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 503:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1035 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 503:

TCGTCCTTTAA TCTTGCTGAC TTTAGAAGGC TTACGAGTGC GGTTACCATT TTTTGCATCT 60  
TTAACTGATT GAACTAAAGC TtGACGTGTA GATTTATCAG CTAAACTAAT TGCACCACCA 120  
ATTACGGCAC CAATTAAAAT ACCAGGAACA AATTTATTTT CCATAAAAAA CTACCCCTCT 180  
TTCAAATTGG CATCTTTTAC GATGTAGTCT ATTAAATTAT CACAAGATGA TAATACCATG 240  
TCGTATACAC CTTCAAAATT ATTCGTGTAG TATGGATCTG GTACATCACT CTCTTCCATA 300  
TTACTAAATT CTAACAGTTT GAACAATTGT CCCTTAAGAT TAGGATTGAT AGATTTAATA 360  
TTATCAACGT TACTTTGATC CATAGCCACA ATGTAATCAA AATCATCTGT CGCTTCGAAT 420  
AATTCATAA TCATGCCATC AAATGGAATA TTGTGTTTGT TGAGAATTTT TTGTGTACCT 480  
TCATGAGGTG GCTCTCCTAA ATTCCAGCTA CCAGTACCTC TTGAATGTAC TTTAATATCA 540  
TGAATATTTT TGTCTTTAAG TCTTTGTGCG ATGATTGCTT CTGCCATTGG AGAACGACAT 600  
ATATTGCCAA GACAGACAAA TGCTACATCT ACCATTTTGA TTCCTCCAAA CTATGTAGTT 660  
ATATCCCCAT TTTATAGCGA CTTTAAACAA TAAGAAAGCA GATTATATAA AATTCATTA 720  
AAGTTTATTA AATTGTGATA CTTTGATAAC ATAACATTA TTAGAGGTGA ACATTGTGGC 780  
TATGACAAAT GAAGAGAAAG TnTTAGCTAT TAGAGAGAAG TTAAATATtG TTAATCAAGG 840  
ATTATTAGAT CCTGAAAAAT ATAAAAATGC AAATGaAGAA GAATTAACAG ATATATATGA 900  
TTTTGkTCaA yCAAGAGaAA GATTGTGCGC AAGTGaAGTG mCAGCTATTG CTGaCGCTTT 960  
AGGACAATTG CGACACGAAT AGGAGTGGGA ATTTTGACTA ATTACAAAGA AAAGTTACAA 1020  
CAATACGCTG AACTA 1035

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 504:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1284 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 502:

5	CTGTACATAC AGCAATATCG TTAACAAATG AAAACAGTAT TTTAGGATTG TAAACCATGA	60
	TAAACCTAAA ATACTGTTAT TTTTATTACT TAAATTTCTT CTTCAATGCC TTTTCAACAT	120
10	AAGGTGGAAC GAATTCAGAA ATATCTGCTC GATAAGCTGC AACTTCTTTA ACAATACTTG	180
	AACTTATAAA TGAATAATTA GTACTAGACA TCATATATAA CGTTTCAATT TCATTGTTCA	240
	ACTTTTTATT CATTGAAGTT AAGCGTAATT CATATTCAAA ATCACTGACT GCTCTTAAAC	300
15	CACGTATGAT TGTTTTAGCT CCTACTTGTT CACAATAATC GACTAGTAAA CCACTAAATT	360
	GATGAACCTT GACATTAGGT AAATGTTTAA CAGATTGTTT AATTAAATCC ATACGCTCTT	420
	CTAAACTAAA CGTACCTTCT TTTTACTAT TTTTAAGAAC ACAGACATGA ATTTTCATCAA	480
20	ATCTATCTGT ACTTCTCTCA ATAATGTCTA AATGACCATA AGTAATGGGG TCAAAACTAC	540
	CCGGAATGAC CGCTATTGTA TGTTCCATGC TATTCTCCCT TTTCTAATAA CAATGTGTCT	600
	GTCAACCCAT AATGGTAACG TTTAATCATA TTAAACGGTT GATAATCTAT TTCTTCATGA	660
25	TTGCTAAATT CACAAACGAT GATACCATT TCTTTCAATA AATTAAACTC TGAAATTAGT	720
	TTTAAAGCTT TATCAATGAG ACCTTTATTA TAAGGTGGAT CTAaGAAAAT GACATCAAAT	780
	TGAATATCAC GTTTTGACAA TGCTTTTAAA GCTCTATCTG CATTATTTTT ATAAACTTCA	840
30	GATTGTGCCT CTAAATCCAA ATTCGCAAGA TTTGaTTTAA TAACTTTTAC AGCTTTAAAA	900
	TTTTGaTCAA CAAAGATTAC CTTATCCATA CCTCGAGAGA GTGcTTCTAT TCCAAGCGCC	960
35	CCGCTTCCTG CAAATAAATC TAAACCTATA CCTGACACAT CATATAAACT ATTAAAGATA	1020
	CCTTCTTTAA CTTTATCCAT AGTTGGTCTC GTATTACGGC CTTCCATACT TTCTAAAGCT	1080
	TTACTTTTAT GTTTACCTGC AATGACGCGC ATGTTGTTCA CACTTCCAAT TCATTAGTT	1140
40	ATTTAATATA ATTTATTGAG AAAAAGGAGA ATGATAAACC AATGAAACAA ACATTTATTA	1200
	CACTTGGTGA AGGTCTAACA GATTGTTCG AATTCATGAC GATGATTGAA TATAACCATC	1260
	AACGTATTGA TAAAATTATC TATTTTCATT CACCACAAGC TGAAAATAAA AAGTCATCTG	1320
45	TAGCAATCAT TATGAACCCT ACAACTGGCA ATCATTTCCA AGCATTTTAT ATCATGATAA	1380
	ACGCTATTAA ATATCCATAT CCAGATTCAA ATAAAAAGTT TCAAATGATA AATGATTGTG	1440
	CTGAAAAATT CGACATACCA ATTTTAGGTA TCGATGTACA GCCCCCTCAA GCATTTTCATG	1500
50	ATTTATCGTT ATATTATAAT TATTTAATTA GTGTGTTAAG GCTCCAAAAA TGGATACCAG	1560
	aACTTCAATA ATATTAATTA TATATTTCGT GTTTCTCTTT TTCGTAAGTT TTCTTTAAGT	1620

55

	TGAGAGAAAA GTTTAGACAC TATTGTGAAC ATGAAGTTCT AAGTTCAATC ATCAATGGTT	240
	CATACATTAT CGTCAAAACC TCACCTGGTT TCGCCCAAGG CATAAACTAT TTTATCGATC	300
5	AGCTAAATAT AGAAGAGATA TTAGGTACGG TGAGTGGAAG TGACACTACA TTAATCTTAA	360
	CTGCCTCAAA TGATATGGCA GAATACGTAT ATGCAAAATT ATTTAAATAG ACATGTATCA	420
	AATGAATAAT AAAAATTTGT TTCGTATCAC GTGTACTCAA GTTAGTTACC AAATATTAAC	480
10	TTGTGTACGC GTTTTTTTAT GGAAAGAAAG AATTCATAGT CATTCAATTG ACTGTATAAA	540
	AAACTTTATA CAACATGTTT TTATGGGTAT TTTTGAATAA AAAATGTATA TTTTGACCCA	600
	AAATACCTTT ATTTATGTAT AAAAATCCAT TATTATGTAT TGTATAACAA AAAGATATGA	660
15	AATTTTCGAC TTTCTTTATG TGAATATAAT CACATGTAAG CGTTTGAAGA TTGTCTATAC	720
	TCTAAATGAA TTCAAAGATA AAAGGAGGAA ATAGACATGA CAGATGGTCC AATTAAAGTA	780
20	AATAGCGAAA TTGGAGCITT AAAAATCTGT TACTTTAAGC GTCCTGGaAA AGAATTAGAA	840
	AATTTAGTAC CTGATTATTT AGATGGATTA CTATTTGATG ATATTCCATA TTTAGAAGTA	900
	GCTCAAAAAG AGCATGACCA TTTTGCGCAG GTGCTAAGAG AAGAGGGTGT TGAAGTACTT	960
25	TACCTTGAGA AGTTAGCAGC TGAAAGTATT GAAAATCCTC AAGTAAGAAG TGAATTTATT	1020
	GATGATGTAT TAGCAGAGTC TAAAAAACA ATATTAGGTC ATGAAGAAGA AATTAAGGCA	1080
	TTATTTGCGA CACTTTCTAA TCAAGAACTT GTAGATAAAA TAATGTCAGG GGTACGTAAG	1140
30	GAAGAAATTA ATCCGAAATG TACACATCTA GTAGAGTATA TGGATGATAA GTATCCATTC	1200
	TATTTAGATC CAATGCCAAA CCTTTATTTT ACTAGAGATC CACAAGCCTC AATAGGACAC	1260
	GGTATAACAA TCAATCGGAT GTTCTGGAGA GCACGACGAC GAGAATCAAT ATTTATTCAA	1320
35	TATATTGTAA AGCATCATCC TAGATTTAAA GATGCGAATA TTCCAATCTG GTTAGATCGA	1380
	GATTGCCCAT TCAATATTGA AGGCGGCGAT GAACTTGTTT TATCTAAAGA TGTCTTGGCT	1440
40	ATAGGCGTTT CAGAACGTAC ATCTGCACAA GCTATTGAAA AGTTAGCGCG ACGTATTTTT	1500
	GAAAATCCGC AGGCGACGTT TAAAAAAGTA GTAGCAATTG AAATTCCAAC TAGTCGAACT	1560
	TTTATGCACT TAGATACAGT ATTTACAATG ATAGATTATG ACAAATTTAC AATGCATTCA	1620
45	GCCATTTTAA AGGCAGAAGG CaATATGAAT ATATTTATTA TTGAATATGA TGACGTAAAT	1680
	AAAGATATTG CCATCAAACA ATCTAGTChT TTTAAAGATA CTTTAGAAGA CGTACTAGG	1739

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 502:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1745 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double



TAGAAGTGGT GAAAATTTTA GTCGCAAAAC ATTAAGCCAT TTGTATTATA AGTTAGTTAA 1500  
 TTGCTTTGTA GAAGAAGTAC AATTGATGA TGGTGTGGT GATTTTAGAC TTTAAGCCA 1560  
 5 AAGAGCTGTT AAATCCATTG CATCACTTGA AGAATATAAT CGnTTTTCAA AAnGGnTATT 1620  
 TGA 1623

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 500:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 605 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 500:

20 AAAGTnGGTG AAnCTATATA CTTAATCTAT ATTTATATAT TAACCATTAG GGTAAAAAAT 60  
 TACTCTAGCA TTTATGAATA GATGGGAGTT TATTTTATTA TTATATAGGA GAGATGTTGA 120  
 ATGACACATC GCGCACTATT AGTTGTTGAC TATTCATATG ACTTTATCGC AGACGACGGC 180  
 25 TTACTAACAT GCGGTAAACC TGGACAAAAT ATTGAAGATT TTATTGTTTC TCGTATCAAT 240  
 GACTTTAATT ATTATCAAGA CCATATATTC TTTTrrTGG ATTTACATTA TTTACATGAC 300  
 ATTCATCATC CTGAAAGTAA ATTATTCCCA CCACACAATA TCGTAGATAC AAGTGGTAGA 360  
 30 GAATTATACG GTAAAGTAGG TAAATTATAC GAAACAATTA AAGCGCAACC TAATGTACAT 420  
 TTCATTGATA AAACGCGCTA TGATTGTTTC TTTGGTACCC CGCTTGATAG TTTATTGAGA 480  
 35 GAAAGAAGTA TTAATCAAGT CGAAATCGTT GGTGTATGTA CCGATATTG CGTGTTACAT 540  
 ACAGCAATTT CTGCATACAA CTTAGGtTAT AAAATTTTCTAG TACCTGCTGA GGGAGTGGCT 600  
 CATTT 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 501:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1739 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 45 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 501:

50 TAGGTTnAAA GCATAGnTTT nTCAAAAAGA CAAATCATTC ATATATTGGA GGATATTTTG 60  
 GTGTAAGATA TAGTGCAACC ACAATTGCTA AAGACTTGAA GGAAGTAAAT ATATATCGTG 120

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 499:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1623 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 499:

```

ATTGAAAGCG ATAATTTCGTA nTAATTGAGT TTGTTGAAAA ATTTAGGGTA ATGTAAAGAT      60
ATAAAAGATA CATAGAyTGG AGAGATATAA AGATGTTGAA TGAGATACAA ATATTaaATA      120
aTGGATACCC GATGCCTTCA GTTGGGTTAG GTGTTTATAA AATCTCTGAC GAAGATATGA      180
CTAAAGTTGT AAATGCTGCA ATTGACGCAG GCTATAGAGC GTTTGATACA GCATACTTTT      240
ATGATAATGA GGCTTCACTA GGACGAGCAT TAAAGGATAA TGGCGTCGAT AGAGAAGATT      300
TGTTTATAAC AACGAAGTTA TGGAACTACT ATCAAGGTTA TGAGAAAACA TTCGAATATT      360
TCAACAAATC GATTGAAAAT TTACAACTG ATTATCTTGA TTTATTTCTA ATACATTGGC      420
CTTGTGAAGC AGATGGTCTA TTTTtagaaa CATATAAGC TATGGAAGAA CTTTACGAGC      480
AAGGTAAGGT AAAAGCAATA GGTGTATGTA ATTTTAATGT TCATCATCTA GAAAAATTAA      540
TGGCTCAATC AAGTATCAAA CCAATGGTGA ATCAAATTGA GGTACATCCA TATTTTAACC      600
AACAAGAATT ACAAGAATTT TGTGATCGTC ACGATATTAA AGTGA CTGCA TGGATGCCTT      660
TGATGAGAAA TAGAGGACTA CTAGACGACC CTGTCATTGT TAAAATTGCT GAAAAATATC      720
ATAAAACACC AGCACAAGTT GTATTACGTT GGCATTTAGC ACACAATAGA ATTATTATTC      780
CAAAATCTCA GACACCTAAA CGCATTCAAG AAAATATAGA TATTTTAGAT TTTAATTTAG      840
AATTAACAGA AGTAGCTGAA ATTGATGCTT TAAATAGAAA TGCAAGACAA GGTAAAAATC      900
CAGATGATGT GAAAATTGGG GATTTAAAT AACTGGATGT TAAATTTTAC GTTTATGAAT      960
GCCTTTTAAT GTGTACATTA AAATAAATGA GTTGGTTTTT ACTATTTGAT AAAACAATAC     1020
TCAGGTACAT TCAAAATCTT TTAAATAAAA AGGATGGACA TAGATGAAAA TTAGAGTCGT     1080
CATTCCTTGT TTTAATGAAG GGGAAATCAT TACACAAACA CATCAACAAT TAACTGAAAT     1140
ACTTTCACAA GATAGTAGTG TGAAAGGCTA TGATTATAAT ATGCTTTTCA TAGATGATGG     1200
TAGTACGGAT ACCACTATAG ATGAAATGCA ACATCTTGCC ACAATAGATA GGCATGTCAG     1260
CTTTATTTCT TTTAGTAGAA ATTTTGGAAG AGAAGCAGCT ATGATTGCAG GTTACCAGCA     1320
TAGTACTGAA TTTGATGCAG TCATCATGAT AGATTGTGAT TTGCAACATC CACCTGAATA     1380

```

- (A) LENGTH: 1504 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 498:

10	AGCTCACGTC ATCTTCGGCG GCGCTAAATT AAAATAATCA ATTTCTGAGT TAAACTTTTA	60
	TTTACAACAT ACTATTACTA TACATTACAA ATTTTAAAAA TATACATTAC ACTCATTACT	120
	CAATGGmAAG CGTATGATTT CmCAGCCCCC CTAGCTTGTA GAAATCATAC TTTCCTTTTT	180
15	TCAATATATA TACAACATTT AAATCCCATA AGATTGCAGA GCACATAAGT AAATTTTTTTT	240
	AGAGCTTGAG GTTTGTTTAG CTTAAGCAAC CCATGAGCTC AAACACTTCC TGTTACACATA	300
	ACACTACAAA TCGCATTATG TTGCTTAATC TTATGTTTAT ATAAATTACA CACAATAAAT	360
20	AGAAAGAATG TGAACATCAT GAATAAATTA TTGCTACTCG TTACATTTAT CATTTCGTGTG	420
	GGTTCAGGTA TTGTTATGTT AATGCAAGGC TACGAAAAAT TAACGGGCGG ATTTACGCTG	480
25	AAAGGTTTAG TACCAGTCAT CGCTAACAAAT ACTGATTCAC CAGAGTGGTA TAAGTGGTTT	540
	TTCGCAAATA TAGTTGCACA TACGACGTCA TTATTTGATA TTGTTGTCCC ACTCGGAGAG	600
	ATTGCAATTG GATTAGGTTT AATTTTGGGA GTTTTTCAT ATGCTGCTAG TTTCTTTGGA	660
30	GCCTTTGTTA TGATAAATTA TATCTTAGCA GATATGATAT TTACGTATCC TCTTCAATTA	720
	ACTTTCTTTA TCCTTTTACT AATGAGTCAC TCATTGTAA AACAGATTC ACTTAAAGAA	780
	ATCATTAAAT ACTTTAGAGG TCGTAAGAAC AGAGGTGAAA AAATAGATGA CCCACTTACT	840
35	GATCGTGGAT GATGAACAAG ACATTGTAGA CATTTGTCAA ACCTATTTTG AATATGAAGG	900
	TTACAAAGTA ACAACGACAA CTAGCGGTAA AGAAGCAATT TCTTTACTAT CAAATGATAT	960
	TGATATCATG GTACTTGATA TCATGATGCC AGAAGTTAAT GGTACGACA TTGTCAAAGA	1020
40	AATGAAAAGG CAAAAATTAG ATATCCCCTT TATCTATTTA ACTGCCAAA CACAAGAACA	1080
	TGATACCATT TACGCCTTAA CTTTAGGTGC AGATGACTAT GTCAAAAAAC CATTTAGTCC	1140
45	AAGGGAAGTC GTTTTACGTA TTAATAATTT ACTTACAAGA ATGAAGAAAT ACCATCATCA	1200
	ACCAAGTTGAA CAACTGTCGT TTGATGAATT AACACTTATT AACTTAAGTA AAGTtGTGac	1260
	tGTAAaTGGT CACGAaGTCC CTATGCGTAT TAAGGAATTT GAGTTATTGT GGTATTTAGC	1320
50	TTCTAGAGAA AATGAAGTTA TTtCTAAATC AGAATTACTT GAAAAAGTTT GGGGATATGA	1380
	CTATTACGAA GATGCTAATA CCGTGAATGT CCATATACAC CGTATTAGAG AnAAATTAGA	1440
55	AAAAGAGAGC TTTACAACAT ATACCATCAC AACTGTATGG GGATTAGGAT ATAAATnTGA	1500

ATAAACTAGA AGTTGGATTG GGAAGAGATA TATCAGGTGA TCCAATTACT GTTCCACTAA 780  
 ATGAAATGCC ACAC 794

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 497:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1161 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 497:

AGCCAGTTTT GcATTTCGTC AAATCGCAAT GAATATATTG ATTGCTTGTC AAAATTTGGA 60  
 AGAAATTTAT TCTTCTTTTT CTTTTAGCA GTTATCATTC CTAATTGTCC TTTCTTTTTA 120  
 TCTTAGTGAT AAAGAATCCA TCTGAATTAA AGTCTTGCGG CATGATTGT AACGTTTTGA 180  
 CCAACTCTCC AGTTATCGGA TGTGAAACG GTTCAAATTC GAAGTTTTTA TTATTTTTCA 240  
 AAAACGTATA AATCACGTTT TCATTTTCTA GTTGCTCAAT TGTACATGTT GAATAGATGA 300  
 TTTCTCCACC TATTTTTACA TTGTTTTTA CATTTTCAA TATTTCAAGC TGTAAATCAA 360  
 CTAGTGA CTC AATATGTTGT TTGCTTTGAG TATACTTAAT CTCCGGCTTA TGTCTCATTA 420  
 CACCTAATCC GCTACATGGT GCATCAACAA GTATCTTATC GTATGTTTTA TCATAAGGTT 480  
 TTGTCGCATC ATGTTGAAAA GCTTTAATAT TTGTTAATCG TAATTnTTTT ATATTAAAAT 540  
 TAATTAAGTC TATTTTGTGA TCATGTATAT CTGAAGCGTC AACTTGCCCT TCTGGCATT 600  
 AAACCTCAGC AATGTGACAA GCTTTACCGC CAGGTGCACT ACATGCATCT AATACGTGAT 660  
 CATGTCGGTC TACATTCATA ATGTGTGCAa CAAACATTGA GCTTTTATCT TGAATTGAAA 720  
 CGAATCCATC TTAAATGAA CGAGAATGAA TAATTGGTTG TCCTCCTATA TGGAGACAAT 780  
 AAGGTAAGTC ATGATCTTTT TCAACGTCAT AACCTTCGTC TTGCAACTTT TCAATAATAT 840  
 CATCTAATGA TGCTCGCGTC AGGTTGGCAC GCACAGTTGT TGATGTCGTT TCTAAAAATG 900  
 ACTGTAAAAT TTTTTCAGTT TCTTCGAGAC CATAATGTGT TGCCCAATGA TCTATAATCC 960  
 ACTTCGGCAT ACTATACTCG ATTGCCATTC TTTTTTAGG ATCTGCAATT TCATTAAAAT 1020  
 CAGGTAAGTC ACTACGCATC ATTGTACGTA AAATACCATT TACGACATTA CCATTATGAT 1080  
 AGCCACCGCG TTCTTTTGCT ATTTCAACTG CTTCAATTAAT AATGGCATGA TTTGGAAGTT 1140  
 TATCTAnATA nACATATTGA T 1161

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 498:

TTGCTGGTGA TACACCTTTA TATTTAGCAG GTGCTACTGA ATCCCAAGTT GATTGTAAGA 1140  
 ATTGATACTT ACCAGCTGCA CCTGgATGTT GGrTTTACAG CATGAATATT GCCACCTGaT 1200  
 5 TCACGTTGrG CAATTTGTTT TAGATGAGCa TTCACATTTA CTGATGAACC TTCTGATGAT 1260  
 TTTGATyCAG TTGGTGTGTC AGTAACTTGT GAATTGTTTG ATGTTGATGC TTGTGGTTGT 1320  
 TGAGTTTGAG CATTTTGTGG TGCTTCAACT TCTTGTGATT GTACTTGATT AGCTTGAACA 1380  
 10 GCTGATGGTG CAACATTATT AGTTGCAGGT GCTTGTGCAC TCATGTCTGC TCCATTAGTA 1440  
 CCTGTTGCAT GGTAATTCCA AGCAAAGTGT GTACCATCTG ATTCAAAGTG ATAAGTAAAC 1500  
 CCTTCATAGT CAAATGTATA ATTATAAGCC CCAGCTTCAA TTGGTTTTTG ATTTAATGTT 1560  
 15 TGATCATTG ATTGCGCCAT TTGCCTGAAA GATGCTTTAT TTAAGTCCGC TTCACnTGCA 1620  
 TGGGCTTCGT GGACCTGCAT TTCCTGGCTA CGATTCTTAA ACCTACTGGC nAAnGATGAT 1680  
 20 GCGAGTAATG TTTTCTTCAT AATCTTAAAA TCCTCTACA AGTGAATTTG TGTCTCTAAA 1740  
 AGTTTTACAG TGGACGACTG T 1761

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 496:

- 25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 794 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 496:

TCATTTATGA AAAATGTCGG AnAGAnCCaa GaAAmaCAAT TGAgCGTGAA GAAAAAGCAA 60  
 35 GACTTAAAGA AGAACAAAAG GCACGTCAAA ATGAACAGCC ACAAATAAAA GATGTGAGTG 120  
 ATTTTACGGA AGTGCCTCAA GAAAGAGATA TTCCAATTTA TGGGCATACT GAAAATGAAA 180  
 GTAAAAGCCA GAGTCAACCA AGTCGAAAAA AACGAGTGTT TGATGCAGAG AATAGTTCGA 240  
 40 ATAACATCGT AAATCATCAT CAAGCAGATC AGCAAGAACA ATTAACAGAA CAAACTCATA 300  
 ACAGTGTTGA AAGTGAAAC ACTATTGAAG AAGCTGGTGA AGTTACGAAT GTATCGTATG 360  
 TTGTTCCACC GTTAACTTTA CTTAATCAAC CTGCAAAACA AAAAGCAACA TCTAAAGCTG 420  
 45 AAGTGCAACG TAAAGGACAA GTACTAGAGA ATACATTAAA AGATTTTGGG GTAAATGCAA 480  
 AAGTGACACA AATTAAAATT GGTCTGCAG TAACTCAATA TGAAATTCAA CCAGCTCAAG 540  
 50 GGGTTAAAGT GAGTAAAATT GTAACTTGC ATAATGATAT TGCATTAGCT TTAGCAGCAA 600  
 AAGATGTTAG AATCGAAGCG CCAATACCTG GTCGTTCTGC AGTAGGTATT GAAGTGCCAA 660

ATTAGATGAG AGGAGTGTGA GGGTTGTCTG CCGAAAGACT ACTCGGCAGT CTAAAATCAT 1020  
TACAAGTAGT AGATATGTGA TAATTAAATG CTGACTTAGA ATACAAAATT CATTTTAAAA 1080  
5 GTTGTCAACAA AAAATTTACA TGTATTTTGA TTATCTTTTG CAAAACAAAG TGTTAAATTA 1140  
TAAATGAaAC ATGCATGAAT TTATTTTGA ATACAAGAAA CGTAACTACC AAAGGAGTTT 1200  
ACAATATGAA GAAAAGTAAA CGATTAGAAA TTGTTTCTAC AATAGTTAAA AAGCATAAGA 1260  
10 TTTATAAAAA AGAACAAATc ATTTTCATATA TTGAAGAATA TTTTGGTGTA A 1311

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 495:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1761 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 495:

TGCACTTTCT AAAAATACTT GCTTTACTTG TTCCAATTCC TTGTCAGACA TTGATTCGGC 60  
TAATTTATTTC ATTATTGCCT CAAATACGTT AATTATGTCA TCCATTTTCAG TACTATAAAA 120  
25 ATCAAACCAT TTTGCCGTAT CTTTTCTCT ATTAAGCTTA TGATCACTTT GAGAGCGCTT 180  
AGCTAATTCT GCATAAATAT ATGGACAAGG TGCCATTGCA GCAATTGTAT AAATAGCATT 240  
TTCACGACTA TGCGCTTGGG AATACATATG TTTTATGTAA TGGTCGCCAC TTGGAGGCCA 300  
AACTTTTGTT TTAATGATT CTTCGTATGA TTCACCAACA ATTTGCGCTA AAATATCATG 360  
CGCAAGTACT TCACCTTCAA CCATAAATTC TATTTGCTCT ACTAAAAATT TTACGTCATT 420  
35 CATGCTATTTC ATTTTGGAA TTAACAAAGC ATATAAGTTT GTAAATTCCTT TTAAATACGC 480  
AGCATCAGCT TTTAAGTAAT GGCCTAATGC GTCAGcTCCT ATATCTCCGG ATAACATCTT 540  
CTGAATAAAG TCATCCTCAT AAATATCATT AATGATTGGC TTTGCAGCTT GGTACAATTT 600  
40 TTGTGAAAAT TCCATTGTAA AAAATCCTCC CTAAATAAAA AACTACTTC CAACATGAAA 660  
GTAGTTTGAT GGCAATGTTG CTATACTAGC CCCATCACTT CAATAACTAC TTTCTACGT 720  
TGGTACTAAC CAAATCAGGT CATAAGGGTC TGAACAATTC ATCTCAGCCA TATCATTAGG 780  
45 CTCCCCTAGT AGTTCCTTAG TATTCAATTG CAAATTAATC TTAGCAAACG GTTTCAACAT 840  
TTTCAATTAT TGTGCTCAG TTGTATTATT ATCTTTAAAT AATAATTCTA TAATGACATA 900  
TATTTGCGAA ATAAAAAAC CGGAACATAT CGAGAATTCC CCGATATATT CCAATCTAAA 960  
50 AGTTACTTAT ATAACATTA ATTAGCTATG CATAAATGGC TTATGCAGTA ACCCAATGTC 1020

TATCCAGAAG CAGACCCACA ACCCGGAGAC ATAGTACAAA TAAAATCTAC CAAACTAGGT 840  
 TTGAATGATT TAGTCCGTAT AGTACAAGTT AAAACGATTA GGGGTATAAA CAATGTAATT 900  
 5 GTTAAGCAAG ATGTAACGCT TGGTGAGTTT AATCGAGAAC AACGATATAT GAAAAAAGTT 960  
 AATACTGCAG CTAACATATGT TTCTGGATTA AATGATGTTA ACCTTTCTAA TCCTAGTAAA 1020  
 GCGGCAGAAA ACTTGAAGTC TAAAGTAGCG TCAATAGCTA AATCAACACT CGATTTTGATG 1080  
 10 AGTAGAACTG ATTTGATTGA AGATAAACAA CAGAAGGTAA GCTCTAAAAC TGTGACTACA 1140  
 TCTGACGGCA CTATCGTTCA TGATTTTATa GATaAATCma ACATTAAaGA TGTAAAAmCG 1200  
 aTTGGAACGa TTGGCGATtC TGTAGCTAGA GGATCACATG 1240  
 15

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 494:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1311 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 494:

ACGGTGATT TAGCCTAGAA GATTTAACGC ATCAAGGTAA ATTaTCAGCA TTTAGCTTTA 60  
 ATGATCAAaC AGGTCAAGCA ACATTGATTA CTAATGAAGA TGAAAACCTC GTAAAAGATG 120  
 30 AGCAACGTGC TGGCGTAGAT GCAAATTATT ACGCTAAACA AACATATGAT TATTACAAAG 180  
 ACACATTTGG TCGTGAATCA TATGaCAACC AAGGTAGTCC AATTGTTTCA TTAACGCATG 240  
 TTAATAACTA CGGTGGTCAA GATAACAGAA ATAATGCCGC ATGGATCGGT GACAAAATGA 300  
 35 TCTATGGTGA TGGTGATGGT CGCACATTCA CAAGTTTATC GGGTGCAAAT GACGTAGTAG 360  
 CACACGAATT aACACACGGT GTGACACAAG AGACAGCGAA CTTAGAATAT AAGGACCAGT 420  
 CAGGCGCTCT AAATGAAAGC TTTTCAGATG TTTTGGATA CTTTGTAGAT GACGAGGATT 480  
 40 TCTTAATGGG TGAAGATGTC TACACACCTG GAAAAGAGGG AGACGCTTTA CGCAGCATGT 540  
 CAAACCCAGA ACAATTTGGT CAACCAGCTC ATATGAAAGA CTATGTATTC ACTGAAAAG 600  
 ATAATGGTGG CGTACATACG AATTCTGGAA TTCCAAATAA AGCAGCTTAT AACGTGATTC 660  
 45 AAGCAATAGG GAAATCTAAA TCAGAACAAA TTTACTACCG AGCATTAAAC GAATACTTAA 720  
 CAAGTAATTC AAACCTCAAA GATTGTAAAG ATGCATTATA CCAAGCGGCT AAAGATTTAT 780  
 ATGACgAGCA AACAGCTGAA CAGGTGTATG AAGCATGGAA TGAAGTAGGC GTGGAGTAAA 840  
 50 AATATATAAA CaAGAAGAAG TAATGTAAA CACTTATAAA TAATTAAATT TTAAATACAG 900

TTATTGACAT TGTTTTTATC CAAAATTCAT TGTTAAGACA TTTTCTTTAT GAAATAATAA 120  
 TnATATTGAA GTATATTTTT ATTATTATTA AAAATAAATA AGGGGATACT TATGAGCACA 180  
 5 AATCAAACAT TTTTAATATT TGTTATAGCA ATTATTCTAC TTACATCTGT AATAGGAATT 240  
 GTTGGACGAT ACATGAGTCG TCAACGTCTA TTAATCTA TGGAAACATT ATGGCAAACG 300  
 ATTTCTCCAT TAGAAGCTTT TATCAGACCG AACTCACATT TCGACTATGA GTATAAGCTC 360  
 10 TACAAGGAAA AATTTGAATC ACATTCATTA GTTGATGATA AACTTGCTC CGACTTAAAT 420  
 ATGAATGCAA TCTTTCATAA GATGAATTAT AATTTAACAG CTATTGGTGA AATGAAGCTA 480  
 TATGCCTGTT TACGTGGAAT GCTTTCAATT ACGAACAAT CATTACTTAG TTTATTTAAT 540  
 15 GATAATGCTG AATTTAGAAA AAACGTAACA TATCATTAG CTTTGATTGG tAAAACTGTT 600  
 aTCCAACATT TCCAGACCAA ATCACACCGG kAAACGTCCA AATATATTGn TCTATGCCCC 660  
 GTTTACCAGT ATC 673  
 20

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 493:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1240 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 493:

AAAAAAAGTT AATGCTGACG GTGTATTAAC TTTTGATATT CTAGAAAATA AATATACTTA 60  
 TGAAGTTATT AACGCTATAG GGAAAAGATG GATTGTTAGT CATGTCGAAG GTGAAAACGA 120  
 35 CAAGAAAGAA TATGTAATAA CTGTCATTGA TAGGAAATCA GAAGGCGACA GACAACTGGT 180  
 TGAATGTACT GCTAGAGAGA TTCCCATAGA CAAGTTAATG ATTGATAGAA TTTATGTTAA 240  
 TGTAACAGGA TCTTTTACAG TAGAAAGATA TTTAACATT GTGTTTCAAG GTACTGGAAT 300  
 40 GCTTTTTTGAA GTCGAGGGCA AAGTTAAATC TTCAAAGTTT GAAAATGGTG GTGAAGGCGA 360  
 TACAAGGTTA GAAATGTTTA AAAAGGGATT AGAACATTTT GGTTTAGAAT ATAAAATAAC 420  
 GTATGACAAA AAGAAAGACA GATATAAGTT TGTATTGACG CCTTTTGCAA ATCAAAAAGC 480  
 45 GTCTTATTTT ATTTCTGACG AAtCAACGCC AACGCTATAA AACTCGAGGA AGATGCAAGT 540  
 GATTTGCGCA CCTTCATTAG AGGATATGGT AATTATTCAG GAGAAaGAAAC ATTGCAACAC 600  
 GCTGGGCTCG TAATGGAAGC TAGAAGTGCA TTAGCTGAAA TATACGGCGA CATCCACGCA 660  
 50 GAACCATTTA AAGATGGTAA AGTGACTGAC CAAGAAACTA TGGATAAAGA ATTACAATCG 720



## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 491:

	TATCCACCCC	ACGAnAGCCC	CGGAAACTTA	TTGTGTTACA	AGATATATAA	GCAGAAACGA	60
5	ACAACAGTTA	ACAAAATAAA	TGAAATTAAA	CGTTTTAAAA	ATGAAACAAA	TGAAATCATC	120
	TATTAGGTTA	TGAAACTGTT	TATAGCTTGA	ATAGAAGCAt	TTATTTTTTA	GGAGGACAAT	180
	TATTATGCGT	CAAACATTTA	TGGCAAATGA	ATCAAACATT	GAGCGCAAAT	GGTATGTTAT	240
10	CGATGCTGAA	GGCCAAACAT	TAGGTCGTTT	ATCATCAGAA	GTAGCATCTA	TCTTACGCGG	300
	TAAAAATAAA	GTAACCTTACA	CACCACACGT	TGATACTGGT	GATTATGTAA	TCGTTATTAA	360
	TGCATCAAAA	ATCGAATTTA	CTGGTAACAA	AGAAACTGAC	AAAGTTTACT	ACCGTCACTC	420
15	AAATCACCCA	GGTGGTATCA	AATCAATCAC	TGCTGGTGAA	TTAAGAAGAA	CTAACCCAGA	480
	ACGTTTAATT	GAAAACTCAA	TTAAAGGTAT	GTTACCAAGC	ACTCGTTTAG	GCGAAAAACA	540
	AGGTAAAAAA	TTATTTGTAT	ATGGTGGCGC	TGAACATCCA	CACGCTGCAC	AACAACCAGA	600
20	AAACTACGAA	TTACGTGGTT	AATTAGAAGG	AGGAAATGAC	TTTGGCACAA	GTTGAATATA	660
	GAGGCACAGG	CCGTCGTAAA	AACTCwGtAG	CACGTGTACG	TTTaGTACCa	GGTGAAGGTA	720
25	ACATCACAGT	TAATAACCGT	GACGTACGCG	AATACTTACC	ATTCTGAATCA	TTAATTTTAG	780
	ACTTAAACCA	ACCATTTGAT	GTAACCTGAAa	CTAAAGGTAA	CTATGATGTT	TTAGTTAACG	840
	TTCATGGTGG	TGnTTCACTG	GACAAGCTCA	AGCTATCCGT	CACGGAATCG	CTCGTGCATT	900
30	ATTAGAAGCA	GATCCTGAAT	ACAGAGGTTc	TTTAAACGC	GCTGGATTAC	TTACTCGTGA	960
	CCCACGTATG	AAAGAACATA	AAAAACCAGG	TCTTAAAGCA	GCTCGTCGTT	CACCTCAATT	1020
	CTCAAAACGT	TAATTGTCGG	ACGATATATA	CAAAACACCT	CGATATTATG	TCGAGGTGTT	1080
35	TTTTTGCGCT	TTTTGCGGCG	AATATGGAAT	GTGTAGAATA	TAAATGAATT	TTTACCTTCC	1140
	CACCATAAAA	GATGAAGAAC	CATGAATGTG	GAGAACAATA	AATAGTTGGA	TATTCTGTTA	1200
	TTTTTTTGGA	AGTGGAAGTG	GATTTGGAAT	ACTTTACTCn	AAACGATTAA	AAGGTTTAAA	1260
40	AAAACAACAA	AnAGAAA					1277

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 492:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 673 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 492:

ACTGAAGATT TGACAATCTT TTTATACTTA GCTTTTGTG AATCATCCAT GGCATCACTT 900  
 AATCTCAACA ATGATTTTCAT TACTGTTGCA GATGCTGAGT GACTGGTTTC ATTTTCACGA 960  
 5 CTGATAGCTC TACCTCGTGA TAAATCCATC ATTTACCTT TATAAATGAG TGGCATAAAT 1020  
 CCGTCGTCAA TCCATGACTT TAAGGTTGTA TCATTTTGGG TTTTATCATT AAAAGGTGTT 1080  
 TCTTTTATCA TCGGCATCAT TTGAGAAATC CCCTCTAAGA GTACAACGCC ATAAGCACCA 1140  
 10 GTGTATGGAA CGTCTTGATG ATCAATGTAA GAGCCATCTT TATAAAATCC ATTACGTTCT 1200  
 TTACCACTGG CAGAATCTTG AACGTAAGTG AAGACTTTAT TAAATGAATC TATAGACTTT 1260  
 TTCATCATAT CTTTATCTTC TTCGATAATA CATTCTAAAA GTTTCACCTT AGAAATGTCT 1320  
 15 ACTAnATTTT CGCCTTTAGC AAGTTCAGnT TTTCTACAC AAGATAATAT TT 1372

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 490:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 564 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 490:

ACAACAATAT AGTAAAGCGT CGTTAATTAA ACAATGGGAC CAATTTGTTC GTCTTATATA 60  
 30 AATGTACTTT aCCTTTATTT TTACAAAAAT AGCATTTTCC TATGTCATTT AACTAAACAT 120  
 GTAAGTTCGT ATGAACGAGG TTTGTAAAT AGATGATTCT AGGAAAATGC TTTTTCCTT 180  
 TGACTTAGTT TAAATATTT TGCCACTTTG TACTGATAGT AGTTGCATTG TACTGTTGTG 240  
 35 CAGATTCTAT GCTATTAATT GAAACTGTT GCAATTTTGT AGTATTATTT AGTAATTGGT 300  
 CGACCTTTTC AACCATTGTA TTGATGTCAC CTTGAGGTAC TAAATAGCCA TTAAATCCAT 360  
 CTTGaATCAG TTCTGaTGGa CCATAATCTA CATCATAACT GATCACTGGT GTACCTACTG 420  
 40 AAAGCGACTC TAAATTTGCT AAGCCAAAAC CTTCCATTTT ACTTGTCGAT AACATCAGTT 480  
 CTGCTTTAGC AATCTCTTCA TTAATATGCG TCTTAAAACC ATGAAATTTA ACATGTTCCA 540  
 GATATnATGA TAATCTTCTA CAAG 564

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 491:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1277 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 488:

5 GTAGGCACAC ATCTGCCATA TAAACATTCT TTTATACTAG TGTTCTCATA TAGTGTAGAG 60  
 TTATAGTCTC CTTCTTGAAT CTCGAATAAT TCAATCAACC TATCAACCTT AGTCTCTTCC 120  
 GTTACTTCTT TTTCAATATC AACTATGAAG GGGATATCAA TTGGAATAAA ACTTGACGTC 180  
 10 GAACACTTAT TTGTATTTGG ATGAAAACGA ACGAATCCAT CACTAAATCC TGTTGAAAAA 240  
 AATATTTTTTC CTTGTGATAG ATCCGGATTT TCTCGCGCCC ATTTAATTAA TTCATCTAAT 300  
 CTCATTTCTT TTTTAACTTT GATTTTCATT GTTATATCTC CTCTTGAACA GTAAATTTAT 360  
 15 CGTTAAATGA TACGTATCCA GTCACATTAC ATAAGATGCT ATCAACATCA AAAGTCACAC 420  
 AACAGTTGCG TTCAACATCA TTTGAATAGA ATCT 454

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 489:

- 20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1372 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 489:

30 TTGTCAGAAT TAGAATGCTT TTGAGTTACT TCATAATACT CATCAGTTTT TTGTGTATCC 60  
 TTTTGACTTT TATTTATTTT TTTCCACTTA CCAGTATGAC TTTCTTTTTT TACAGTTATT 120  
 TTCGGTTTGT TTAATAAATG ATAACCGATG TTCTTTTTGG TATCTGTGGA CTCTAAAAAG 180  
 35 ACTGAATTGT TTTCTGATT ATCAGAATTG GTTGTGTTGT TATCGTCTGT ATATAACGTA 240  
 TACCCATTCT CTTTGCGATT TTCAATCGTT GTAACTGGAT TCTTTGATGA ATCAGTACTT 300  
 TTAATGCCAG TTCCTAAGAA GACAATTTTA TCGTTTAATA TGAAATATGA TTTTTTGGCA 360  
 40 GTTAAAGTTT TGTCCTGATT TTCAAATCC ATTCCGATAC TAGCATGTTG GTCATCAACT 420  
 TTTGTTCGCG CAACAAAAGT TTTACTCGAC TTTTATCAT CCGTATCTTT TAATATTTCA 480  
 TTGTCTAAAG TTGTTGTACC TGATAAACGT TTCATATCGG CTGTCACCCA GAAGTTATCA 540  
 45 TGATAGTGTT TGACATCGCT GTTATATAAA TAAGACATTC CAGCACCAGT GTGCCAACCT 600  
 TTAAATTTCT CTCCGTTGAT ACTTTCATAG CGTGCTACGT TTTTCGACGT CATACTTAAA 660  
 CCAAATGCAA AGTCTAAGTC TTTGTTATGA TAGGTGACAC GATCCATGTC ATTATATATT 720  
 50 TTAAGTTGTT GTGTAAATCC GTTTTTAGAA ATACTGTTAT CTGTCATTAA AGACTTCATT 780

	TATTATTATG TTCAAAACTT TACGCTCCAA AAAGTAAAAA GGAAGTTAAG CAATGTTTATG	660
	TTGCTTAACT TCGGATATTG AACGCATCAG TCCAATTTGA CATAGAGCCT TTTTATAGTTC	720
5	TTGATGTTTC TCTTTAAAAC CTTGCATATT TTACAAAAAG AAAAATTAGC AGTATAATTA	780
	AGACAACGAA AATAAGTATT TACTTATACA CCAATCCCCT CACTATTTGC GGTAGTGAGG	840
	GGATTTTAT TGGTGCGGCT ATATGTCACC TATTTTGTAT TGCCTCTACT TAGCCAATAA	900
10	GAAAAAACG CAATGGCACA GCCACTGATG ACTGGTGCTA TGATGTGAAC GaAAATAAGC	960
	ATCACCTTAT ACACCTCCTC TCTGCGTCTA AATTGACGSc TGAGaGrTAG GcGACTCTAC	1020
	TATTATATCA TCGGCAAATA TACAAGCACA GTCAGTTGCT TCTGATAAGT TATATGATTTC	1080
15	TAGCTGATAG ATTGAATCGT CTACACTTAA TTGGACAAAT TCTATGAGAA TAGATATTGT	1140
	TAATTTAAGA AAGTAGGCGA TTTTATTATG ACAAGAGAAA GAAGATCATT TAGTTCAGAG	1200
	TTTAAGTTAC AAATGGTTAG ATTATATAAA AATGGTAAGC CTAGGAATGA AATTATACGC	1260
20	GAGTATGATT TCACACCTTC GACGTTTGTA AATGGCGGTT ATAAAATGTA GGAAAATGGA	1320
	TAAAGCAACA TCAAAACACG GGTACATTCA ATCACCAGA TAACTTATCG GATGAAGAAA	1380
25	AAGAGCTGAT TAAATTACGC AAAGAAGTTC AACATTTAAA AATGGAGAAC GATATTTTAA	1440
	AGCAAGTAGC GCTGATTATG GGGCAAAAAT AGAAGTCATT CAAAAGAATG CACATCAATA	1500
	TTCAAGTATCA GCAATGTGTA AAGTCCTGAT AATACTAAGA AGTACCTATT ATGATTCTAT	1560
30	AAAAAGAAAA GATAATAAAA TCACTAAAGA TGATTCAAAC ATAGAACATG CCGTCATAAA	1620
	TATTTTTAAT TCTAATAGAA AAGTCTTTGG TACAAGACGA ATTAAAAATC ATTTAAATGA	1680
	CAAGGGTCTC ACTGTATCTG GACAAAAGAT AGGTCGATCA TGAAAAAATC TAGTTTCTGT	1740
35	TTATACGAAA TCTAAATACA AAAATCATCT AAAAGAACT AATGAAAAAC GAATTAATAA	1800
	TCTTTATTAT TAGCTGCTGG TGTATTATTT GTTAGTCCAA TTTCATTATC TTATAATTCA	1860
	GATGTAGCTC ATGCTGAAGA TAAGTTAGAC CATTCTCAAG CAAAGGTAAT ATATTTGAGT	1920
40	AACCAAAATT TATTTGATGA ACTTGAGAAA AAAGGTTATA AACTGGAAGA TATATTTACA	1980
	AAAGAAGAAA TAAAAAATA TAAAGCTGAA GACCAATTGA GAGCGGGTAA AACTCAATAT	2040
	GTAGAAACAG GTAAAGATAC TGCAACATTA TATCTTTCTT CTGCATATAC AAAACAATA	2100
45	GCTGCTTTAG GT	2112

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 488:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 454 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

AATGTAAAAT GTTCAAAGTG AATCATATTA CCAGCCGAAT TGAATGAATA GAACATTAAA 960  
 AAGAATATTG GGATGTATAA AATCGCTAAA AGTATCCCGA TATACAGCTT TCCATACCAT 1020  
 5 TTCATATGAT TCACCCTCTC CCATTAGATG ATTTTGTAAAT GATTAAAATG AATGCCATAA 1080  
 ATACAATTAA GAATATAGCT ATAGTTGATC CCATACCATA ATTTTGAATT GTTAAAAAATT 1140  
 GTTCCTCTAT TGCCGTACCT ATATTTATGA CTTTATTACC TGCAATTAAT CTTGTAATCA 1200  
 10 TAAATAATGA AAGTGATGGA ATAAAGGTTA CTTGAATCCC AGTCATAACA CCTTCTTTTG 1260  
 TTAACGGCAT GATTACTTTT CTAAAAGTAT AGAAAGGACT GGCACCTAAA TCACTTGAGG 1320  
 CCTGCAATAA ATTATTAGGA ATTGCTTTCA TGCTATTAAA TATAGGTAAA ATCATAAATG 1380  
 15 GTATATAAAT GTAACCTGCC ACTACTAAAA ACGCACCAGT TGTAATAAAC AAATTGAATG 1440  
 ATGGTAAATT AAATAAGTGG AAAATTGATT AATCACGCCA TCATGACTTA ATAAACCTAT 1500  
 20 AAAAGCATAT GTCTTTAACA ATAAATTTAT CCATGTTGGA ATAATCATT TCAATTAATAA 1560  
 GATATTTTGA AATTTGGAAC GAGTAATATA ATAGGCAGnT GGATAACTGA TAGTCAAGGT 1620  
 AATAATTGTT ATTGAAGCGG CATATAAAAT TGAATATGCA AACATTTTCA AATATTTTGT 1680  
 25 AGTAAAAAATT 1690

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 487:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2112 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 487:

ACGAAAAGAA ATATTATGAT GAACAAAAAG AAAGAATAAC GATTTATATG AAGTACAATG 60  
 TGAAAGGTTA TAAAAATATA AGCTTCGCTA ATTTTAAAGA AAACCCAATG GATGGTTATT 120  
 40 CTATTAGTGG TTATATAAAT AAtGaTAAAA AGTTATCATT TACAGCTGGT ATAAGATCTG 180  
 TTGATGATTT TCAATTTGAT ACCGATATTT CTTATACAGA TGAATTGGGT AGAAAATTTA 240  
 ATAAAAATCC TAAGTCAGTT TCTGAAATAA AAAAAGAGCA AAATACGTCC AATAAATAAT 300  
 45 TGTTTCATATT GTGATGAAAC AAAAATATAA GTCATTAGAT GAGTTTAACT ATGTTATAAA 360  
 TATTTGTAGT ATCTATAAAA ATCTCGACAC TATTAAAATG ATAAAGTGCC GAGGTTTCT 420  
 50 TACTTATTTA GTTAATTCAA AGTTTATGCC AGATTCATAA GAATTTGTGA CACTTTTAAT 480  
 AGTGTAACCAT TGATTATTAC AATTTATCAA ATGGTCCTTT AGAAGGTATA AATAACAAAA 540

AGTGCACATG ACTAATTAAG TTTTGTGTAC TGTTTTAATT TTGCAATTTT TATAAATAGA 1800  
 TTTTGTAAATT AAAATAAAAA TTTGCTATAG TTATTCATGT ATTTAAAAGG TTGGGGATTA 1860  
 5 GCATAATGGG ATTGTGCTAG CACAGTTATT TATGCATTGT CATGCCTATC TATTACTTAC 1920  
 TAACTAAAAA ATAATGAAAT GGGTGTAAAC TATATGCCTG AAAGAGAACG TACATCTCCT 1980  
 CAGTATGAAT CATTCCACGA ATTGTACAAG AACTATACTA CCAAGGAACT CACTCAAAAA 2040  
 10 GCTAAAACTC TTAAGTTGAC GAACTATAGT AAATTAAATn AAAAAGAACT TGTTCTAGCT 2100  
 ATTATGGAAG CACAAATGGA nAAAGATGGT AACTATTATA TGGAAGGTAT CTTAGATGAT 2160  
 ATACAACCAG ATGGTTATGG TTTTTTAAGA ACAGTGAACCT ATTCTAAAGG GGAAAAAGAT 2220  
 15 ATTT 2224

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 486:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1690 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 486:

ACATTACnTT GAATCGAAAG TTTCATAAAC GACTTGAATG CCAGTTTCTT TTTCAAATTT 60  
 30 CTTAATTAAAC TCTGGATCAA TATATTCGCC CCAATTGTAT ACGTAAATTT TTTGATTTGT 120  
 ATGCACTTGT TCTTTAGATT TAAACCAATG ACTTAAAGTA AGACAAAGCA TACCCACAAC 180  
 TAATGCACCT ATAATGAGTT GTAAAAATCG TTTCAATTATT TTACACCTCG CTTGATTAGT 240  
 35 TTTTCTTAT TTATCACGTA TTGAATCAAA TAATATCCTA GTATTCCTAA TACAATAACA 300  
 GCAAACAATA ATGTTGAAAT CGCATTAATT TCCATACTAA TTCCTTTTCT CGCCATAGCA 360  
 TAAACTTCAA CTGATAACAC ACTAAAGCCA TTACCAGTAA CGAAGAACT TACTGTGAAA 420  
 40 TCGTCTAGTG AATAAGTTAA AGCCATAAAG AATCCTCCTA TAATAGAAGG TAAAATATTA 480  
 GGAATAATAA TGTTGCTTAA TAATTGTGGT TCAGTCGCTC CTAAATCTCT TGCAGCATTT 540  
 AACATATTAT TATTCAyTC ATACAGTTGT GGTAAGACGA TAATCACAAC TATAGGTATG 600  
 45 CAAAATGCAA TATGAGATAT TAGAACTGTC CaAAAKCCTA AACCAAGACC AGTAAAATGG 660  
 CCAATCGTTG TAAACATAAT TAAGAATGAT GCACCTATGA CAACGTCGGA TGATACCATC 720  
 AAGACATTAT TCAATGTTAG TAAAGTTACT TTAACTTTT TATTTCTTAA ATAATAAATA 780  
 50 GCAATGGCAC CAAATGTACC AATAACTGTA GAAATTGAGG CTGCTAAAAG TGCTACAGCT 840

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 485:

	ATCATATGGT CGATTTAACA GATCCAACGT ACTGCTAAAT AATTACATGA CGTTTAAACA	60
5	TAGCATTGAT TATAACTATT TCTAAGTCTT CGCATTATTT GCGATGATGT GGAATAGTT	120
	ATTTTTATTT AAAAATATAA AAAAATAGAT GCAGCAAAAT TTTAAAGCAT TTTATTTTGA	180
	ACATATTAAA AGGGAGCGTA TCATAATGGA ATGTAATGTT TATATCGTAT GCATTACGGA	240
10	TAAATAATAT ATAAATCATT CTTGAGGAGT GAAAGAATAA TGAGAGACTA CACAAAGCAA	300
	TACATTAATG GCGAATGGGT AGAAAGTAAT AGTAATGAAA CGATAGAAGT TATAAATCCA	360
15	GCAACCGAAG AAGTAATCGG GAAAGTTGCT AAAGGTAATA AAGCTGATGT TGATAAAGCC	420
	GTGAGGCGG CAGACGATGT TTATTTAGAG TTCCGTCATA CATCTGTGAA AGAAAGACAA	480
	GCGTTATTAG ATAAAATTGT AAAAGAmTAT GAAAACAGAA AAGACGATAT TGTACAAGCT	540
20	ATTACGGATG AATTAGGTGC TCCTTTATCA TTATCTGAGC GTGTCCATTA TCAAATGGGA	600
	CTAAACCATT TTGTTGCAGC GAGAGACGCA TTAGATAACT ACGAATTTGA AGAACGCCGC	660
	GGAGATGATT TAGTTGTTAA AGAAGCAATC GGTGTATCTG GATTAATTAC ACCGTGGAAC	720
25	TTCCCTACAA ACCAAACATC ATTAAAATTA GCAGCAGCAT TTGCGGCTGG TAGTCCAGTT	780
	GTACTTAAAC CATCTGAAGA AACACCATTT GCAGCTGTTA TTTTAGCTGA GATTTTGTAT	840
	AAAGTCGGTG TTCCTAAAGG TGTATTTAAC CTTGTTAATG GTGATGGTGC TGGTGTGGG	900
30	AATCCTTTAT CTGAACATCC TAAAGTACGC ATGATGTCAT TTACAGGATC AGGCCCTACT	960
	GGTTCTAAAA TTATGGAAAA AGCCGCTAAA GATTTTAAAA AGGTATCATT AGAGCTTGGT	1020
	GGCAAATCAC CATATATCGT CCTAGATGAC GTAGATATTA AAGAAGCGGc TAAAGCAACa	1080
35	aCAGGCAAAG TTGTTAATAA TACTGGTCAA GTATGTACAG CTGGTACACG TGTTTTAGTG	1140
	CCTAACAAAA TTAAAGATGC ATTCTTAGCT GAATTAAGAG AACAAATTTAG CCAAGTGCCT	1200
	GTGCGTAATC CAAGAGAAGA TGGTACACAA GTAGGCCCTA TCATTAGTAA AAAACAATTT	1260
40	GATCAAGTAC AAAATTATAT TAATAAAGGT ATTGAAGAAG GTGCTGAATT ATTTTATGGT	1320
	GGTCCTGGTA AACCAGAAGG ACTTGAAAAA GGATACTTTG CACGTCCGAC AATTTTTATT	1380
45	AATGTAGATA ATCAAATGAC GATAGCACAA GAwGAAATTT TTGGGCCAGT AATGTCAGTT	1440
	ATCACTTATA ACGATTTAGA TGAAGCGATT CAAATTGCAA ATGATACAAA ATATGGTTTG	1500
	GCAGGATATG TTATTGGTAA GGACAAAGAA ACATTGCATA AAGTAGCTCG TTCTATTGAA	1560
50	GCAGGTACAG TAGAAATAAA CGAAGCAGGT AGAAAGCCAG ATTTACCATT TGGTGGCTAT	1620
	AAACAATCTG GTTAGGTCG TGAATGGGGC GATTATGGTA TTGAAGAGTT CTTAGAAGTG	1680

55

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1158 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 484:

10 ACAACCAATT TTAATAACA TGGTrTCAT gCATTITCAA TATTAGATG TCGACCGCAT 60  
 AATCGAAGAA TCGCCGACAA TAGTACTTAT CGATGAGTTA GCACATACGA ATATTTCTAG 120  
 15 AGATCGTCAT GAGAAACGAT ATATGGATAT TGAAGAAATT TTAAATCATG GTATCGATGT 180  
 TCATACCACT TTGaACATTC aaCATATTGA AAGTTTAAGT AGTCAAATTG AACTGATGAC 240  
 CGGTGTACAT GTTAAAGAAC GTGTACCCGA CTATTTTATA ATGAGCGCCG ATGTATTAGA 300  
 20 AGTCGTAGAT ATCTCACCTG AACAAATTAAT TAAACGCTTA AAAGCTGGCA AGGTATATaA 360  
 AAAGGATAGG CTAGATGTAG CATTITAGTAA TTTCTTTACG TATGCCCACC TAAGCGAAtG 420  
 CGTACATTGA CGTTAAGAAC AGTTGCCGAC TTGATGAGTG ATAAAGAAAA AGTCCGACAC 480  
 25 AACCATAAAA CGTCACTCAA ACCTCATATT GCTGTGGCAA TTAGTGGGAG CATTITATAAT 540  
 GAAGCAGTAA TTAAAGAGGC ATTCCATATT GCTCAAAAAG AACATGCGAa GTTCACTGCT 600  
 ATTTATATAG ATGTATTCTGA AAAAAACAGG CAATATAAAG ATAGTCAAAA GCAAGTGCAT 660  
 30 CAACATCTCA TGCTTGCAAA ATCATTAGGA GCAAAAGTAA AAGTAGTTTA TAGCCAAACC 720  
 GTTGCAATTAG GATTAGACGA ATGGTGTAATA AATCAAGATG TAACCAAATT AATTATCGGA 780  
 CAACATATTA GAAATAAGTG GCGAGACTTT TTCAATACAC CTTTAATTGA CCATTITAATG 840  
 35 TCCTTTGAAC ATAGCTATAA AATCGAAATC GTTCCAATCA AACAAATACC TGTGGAATTG 900  
 AAAATGAACA AATCACCTTA TCGTCCTAAA GGCAAACGTT TCGCCATAGA TATGTTAAAA 960  
 ATGATTTTGA TTCAAATAAT TTGTGTAATG ATGGGACTGT GGATTTATCA ACTTGATAAG 1020  
 40 CATGAGTCTA GTACGATTAT TTTAATGATT TTTCTCATCG GCATCATTTT ATTATCCATT 1080  
 TGGACGCGGT CCTTCATCAT TGGCTTTTaG CAGCAATTAt TAACGTATTT GTgTkTAATT 1140  
 45 ATkTTTTtAC GGAACCTA 1158

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 485:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2224 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear



TTACTTGTGA TGAAAATGAA AGCGAAGATA TTTTATACAT TAAAGATACA GGTACAGGCA 1200  
 TTGCACCAGA ACATTTACmA CAAGTATTTg ATCGTTTTTA TAAAGTTGAT GCAGCGnAnA 1260  
 5 ACCCCGnGGT AACCAngTA 1279

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 483:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1144 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 483:

GAGCTGTTGT TACTTTGATG CCTGCAGCTT TATTACGGCT GACTTGGTAA TGATAAGTTT 60  
 20 CAGCATATTG CTCAATATAT GCTATATCAT ATTGAATGGT ACGAGGTGAT ACACCAAGTT 120  
 GATTAGCAAT GGTATTGATT GGAATAAAG TTTGCTCATG AATTAAAAGA TACAAAATTT 180  
 CGATTTGTCT ATAACCTAAC AACGTAATAT CCTCCTATTT GTAATTGTAA GCGATTTCTT 240  
 25 AAAAACGTAG ATATGCAATC TCTTTCATAT TTTAATCCGA AAAATTGCAT ATCAAAATGT 300  
 TTATGGCGCA AGATTTTATA GGAACCTTTA AAATAAATTA TATATTCATG TTGACAATTT 360  
 AAAAATGTCT CAGTATATTT AGTTAGACAT CTAACGAAAT GGTGGTGCAA TAAATGGAAT 420  
 30 TCACTTATTC GTATTTATTT AGAATGATTA GTCATGAGAT GAAACAAAAG GCTGATCAAA 480  
 AGTTAGAGCA ATTTGATATT ACAAATGAGC AAGGTCATAC GTTAGGTTAT CTTTATGCAC 540  
 ATCAACAAGA TGGACTGACA CAAAATGATa TTGcTAAAGC ATTACAACGA ACAGGTCCAA 600  
 35 CTGTCAAGTAA TTTATTAAGG AACCTTGAAC GTAAAAAGCT GATCTATCGC TATGTCTGATG 660  
 CACAAGATAC GAGAAGAAAG AATATAGGGC TGAACCTC TGCGATTAAA CTCGTAGAAG 720  
 CATTCACTTC GATATTTGAT GAAATGGAAC AAACACTCGT ATCGCAGTTA TCTGAAGAAG 780  
 40 AAAATGAACA AATGAAAGCA AACTTAACTA AAATGTTATC TAGTTTACAA TAAATGATAA 840  
 GTGTGACTGG TAGAAATCAG TCACTTTGTC TTTAATATTA TAGTTAGATA TCTAATTGTT 900  
 45 AGTAAGCTAA TTATTGGAAA AGACAAGGAG TATTGAACAA TGAAAGACGA ACAATTATAT 960  
 TATTTTGAGA AATCGCCAGT ATTTAAAGCG ATGATGCATT TCTCATTGCC AATGATGATA 1020  
 GGGACTTTAT TAAGCGTTAT TTATGGCATA TTAAATATTT ACTTTATAGG ATTTtTyAGAm 1080  
 50 GAYAGCCACA TGATTTCTGC tAatCTCTCT AACACTGCCA GTATTTGCTA TCTTAATGGG 1140  
 GTTA 1144

TCCTAAAGTA ATCAAAGAAG CTTTACCTAA AGAAGAAGCT GAAAAACTTA AAGAACAATT 1500  
 AGAAGAAGTT GGAGCTACTG TAGAATTAAA ATAATTCAAG TATCTTAAAC TTAATAATCA 1560  
 5 AAGTTTTATA GCAAGTATTG CTATAATATA ATGATTCTTT GAGAAGTTAA AACCCCGTTA 1620  
 TTTTGATAAC GGGgTtTTAT TCaTTTAAAG ACTGAGTGAA ATGTTATAAT TATAATGACG 1680  
 AGTTACAAAG TGAAGATGAG GTGGGAATAA TGAGTCA 1717

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 482:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1279 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 482:

GTAAATCTGT TACTCGAAAT GTAACGATTA AAGAAAAGGG CTCATCTCAA ACATATATTT 60  
 TGTTAGGCTA TCCAACAAAA GCACAGAAGA ATAGTCATAG CAAATATAGT GGAGTCTTTA 120  
 25 TATATAAAGA CTTGAAATCA ATCGAAGATA CAAATAATGC TATTACGATT ATCACCATAA 180  
 TTACGGCTGT TATTTTCTTA ACAATTACAA CAGTCTTTCG GTTTTTCTTA TCGTCAAGAA 240  
 TTACAAAACC TTTAAGACGT TTAAGAGACC AAGCTACACG TGTATCTGAA GGGGATTACT 300  
 30 CTTATAAACC TTCTGTCACA ACGAAAGATG AAATTGGTCA ATTATCGCAG GCATTTAATC 360  
 AGATGAGTAC AGAAATCGAA GAGCATGTCG ACGCATTATC CACATCTAAA AATATTAGAG 420  
 ACAGCTTAAT TAACTCTATG GTAGAAGGTG TCCTAGGTAT TAATGAGAGT CGACaAATTA 480  
 35 TCTTATCTAA TAAGATGGCG AATGATATTA TGGACAATAT TGATGAAGAT GCTAAAGCTT 540  
 TCTTATTAAG ACAAATAGAA GATACTTTTA AATCAAACA AACTGAAATG CGCGATTTAG 600  
 AAaTGAATGC ACGATTCTTT GTTGTGACCA CAAGCTATAT CGACAAGATT GAACAGGGAG 660  
 40 GTAAaAGTGG TGTTGTTGTG ACAGTTCGTG ATATGACTAA TGAGCACAAT CTAGATCAAA 720  
 TGAAGAAAGA TTTCATTGCT AATGTATCAC ATGAATTACG TACACCGATA TCATTACTTC 780  
 AAGGTTATAC TGAATCAATT GTAGATGGTA TTGTTACAGA ACCGGATGAA ATAAAAGAAT 840  
 CGCTTGCCAT TGTCCTTGAT GAATCGAAAC GTTTAAATCG TTTAGTTAAT GAATTGTTAA 900  
 AIGTCGCACG CATGGATGCT GAAGGGTTAT CCGTAAATAA AGAAGTTCAG CCTATTGCAG 960  
 50 CGTTACTAGA TAAGATGAAA ATTAAGTATC GCCAACAAGC TGATGATTTA GGTCTAAATA 1020  
 TGACTTTTAA TTAYTGTAAG AAGCGTGTTC GGAGTTATGA TAWGGATCGC ATGGACCAAG 1080

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 481:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1717 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 481:

	AGTTGCTACA CCAGACATGA TGGGTGAAGT TGGTAAATTA GGTCGTGTAT TAGGACCAAAA	60
15	AGGTTTAAATG CCAAACCCTA AAACCTGGAAC TGTAACAATG GATGTTAAAA AAGCTGTTGA	120
	AGAAATCAAA GCTGGTAAAG TAGAATATCG TGCTGAAAAA GCTGGTATCG TACATGCATC	180
	AATTGGTAAA GTTTCATTTA CTGATGAACA ATTAATtGAA AACyTCaATA CyTTACAAGA	240
20	TGTATTAGCT AAAGCTAAAC CATCATCTGC TAAAGGTACA TACTTCAAAT CTGTTGCTGT	300
	AACTACAACA ATGGGTCCTG GAGTTAAAAT TGATACTGCA AGTTTCAAAT AATAAATGAT	360
	ATAACAATT ACAGGCTGAA AGAAATATCT TTCAGTCTGT AAAAAATATAT TGACAATAAG	420
25	TAATTTCCAA GTTATATTAC TTATTGTGAT TATTTTACCT AAGACAGTAG GAGTTATTTA	480
	TAACCTAAAA TTTATCCTGC CGAGGCTAAA ATTGACTTGA ACGTGATGAT CTATGATCTT	540
	TCAAGCACTT TTTGCCGTGG GTAGAAAGTG CTTTTTTTAT TAATTTTAAA AAAAGCACCA	600
30	AAAATTTAAA TGGAGGTGTC TGAATGTCTG CTATCATTGA AGCTAAAAAA CAACTAGTTG	660
	ATGAAATTGC TGAGGTAATA TCAAATTCAG TTTCAACAGT AATCGTTGAC TACCGTGGAT	720
	TAACAGTAGC TGAAGTTACT GACTTACGTT CACAATTACG TGAAGCTGGT GTTGAGTATA	780
35	AAGTATACAA AAACACTATG GTACGTCGTG CAGCTGAAAA AGCTGGTATC GAAGGCTTAG	840
	ATGAATTCTT AACAGGTCCT ACTGCTATTG CAACTTCAAG TGAAGATGCT GTAGCTGCAG	900
40	CGAAAGTAAT TTCTGGATTT GCTAAAGATC ATGAAGCATT AGAAATTAAA TCAGGCGTTA	960
	TGGAAGGCAA TGTTATTACA GCAGAAGAAG TTAAAACTGT TGGTTCATTA CCTTCACACG	1020
	ATGGTCTTGT ATCTATGCTT TTATCAGTAT TACAAGCTCC TGTACGCAAC TTCGCTTATG	1080
45	CGGTTAAAGC TATTGGAGAA CAAAAGAAG AAAACGCTGA ATAATTTTTA GCGTAAAAAA	1140
	ATTAAAAATA ATGGAGGAAT TATAAAATGG CTAATCATGA ACAAATCATT GAAGCGATTA	1200
	AAGAAATGTC AGTATTAGAA TTAAACGACT TAGTAAAAGC AATTGAAGAA GAATTTGGTG	1260
50	TAcTGcAGCT GCTCCAGTAG CAGTAGCAGG TGCAGCTGGT GGCGCTGACG CTGCAGCAGA	1320
	AAAAACTGAA TTTGACGTTG AGTTAACTTC AGCTGGTTCA TCTAAAATCA AAGTTGTTAA	1380

	GACGTTACAT	ACAAAAAGGA	CGAAAATGCT	GTTGTGCTTG	ATGCAACAAA	GACTCTAAAT	4620
	GAAGAGGCAC	CATATGAATA	TGTTAGTAAA	ATGCGTGCAA	GTATTTTAGT	TATGGGmCCT	4680
5	CTTTTAGCAA	GACTAGGACA	TGCTATTGTT	GCATTGCCTG	GTGGTTGTGC	AATTGGAAGT	4740
	AGACCGATTG	AGCAACACAT	TAAAGGTTTT	GAAGCTTTAG	GCGCAGAAAT	TCATCTTGAA	4800
	AATGGTAATA	TTTATGCTAA	TGCTAAAGAT	GGATTAAAAG	GTACATCAAT	TCATTTAGAT	4860
10	TTTCCAAGTG	TAGGAGCAAC	ACAAAATATT	ATTATGGCAG	CATCATTAGC	TAAGGGTAAG	4920
	ACTTTAATTG	AAAATGCAGC	TAAAGAACCT	GAAATTGTG	ATTTAGCAAA	CTACATTAAT	4980
	GAAATGGGTG	GTAGAATTAC	TGGTGCTGGT	ACAGACACAA	TTACAATCAA	TGGTGTAGAA	5040
15	TCATTACATG	GTGTAGAACA	TGCTATCATT	CCAGATAGAA	TTGAAGCAGG	CACATTACTA	5100
	ATCGCTGGTG	CTATAACGCG	TGGTGATATT	TTTGTACGTG	GTGCAATCAA	AGAACATATG	5160
20	GCGAGTTTAG	TCTATAAACT	AGAAGAAATG	GGCGTTGAAT	TGGACTATCA	AGAAGATGGT	5220
	ATTCGTGTAC	GTGCTGAAGG	GGAATTACAA	CCTGTAGACA	TCAAACTCT	ACCACATCCT	5280
	GGATTCCCGA	CTGATATGCA	ATCACAAATG	ATGGCATTGT	TATTAACGGC	AAATGGTCAT	5340
25	AAAGTCGTAA	CCGAACTGT	TTTTGAAAAC	CGTTTTATGC	ATGTTGCAGA	GTTCAAACGT	5400
	ATGAATGCTA	ATATCAATGT	AGAAGGTCGT	aTGCTAAAC	TTGAAGGTAA	AAGTCAATTG	5460
	CAAGGTGCAC	AAGTTAAAGC	GACTGATTTA	AGaGCAGCAG	CCGCCTTAAT	TTTAGCTGGA	5520
30	TTAGTTGCTG	ATGGTAAaAC	AAGCGTTACT	GAATTAACGC	ACCTAGATAG	AGGCTATGTT	5580
	GACTTACACG	GTAAATTGAA	GCAATTAGGT	GCAGACATTG	AACGTATTAA	CGATTAAATC	5640
	AGTAAATTAA	TATAATGGAG	GATTTCAACC	ATGGAAACAA	TTTTTGATTA	TAACCAAATT	5700
35	AAACAAATTA	TACCTCACAG	ACAGCCATT	TTATTAAATTG	ATAAAGTAGT	TGAATATGAA	5760
	GAAGGTCAAC	GTGTGTGGC	TATTAAACAA	GTATCAGGAA	ACGAACCATT	CTTTCAAGGG	5820
40	CATTTTCCTG	AGTATGcGGT	AATGCCAGGC	GTATTAATTA	CTGAAGCGTT	AcTCAAACAG	5880
	GTGCGGTAGC	TATTTTAAAT	AGTGAAGAAA	ATAAAGGTAA	AATCGCTTTA	TTTGCTGGTA	5940
	TTGATAAATG	TCGTTTTAAA	CGTCAAGTAG	TACCTGGTGA	TACTTTAACG	TTGGAAGTAG	6000
45	AAATCACTAA	AATTAAAGGA	CCAATAGGTA	AAGGTAATGC	TAAAGCTACT	GTCGATGGTC	6060
	AAC TTGCTTG	TAGTTGTGAA	CTTACATTTG	CAATTCAAGA	TGTAAAATAA	AACAAAAAAA	6120
	ACATTCAAAG	ATTTAATGTG	TTGGCATAAT	CTTTGAATGT	TTTTTATTTT	ACTCTTCTAA	6180
50	TTTTTCATCC	TTTAACTTTG	GTTTAGACTG	CaTCATTGCA	TTAAATGATT	TTTTTAATTC	6240
	TTCACCAGAT	AATCCATCAT	CAATAAGTTG	GTTCTAATAA	ACTTTCAGCA	TACTGTTGGA	6300

	CAAGATATCA TTGCTATCTT AGGTATGGAC GAATTATCTG ATGAAGATAA ACAAACAGTT	2820
	GAACGCGCAC GTAGAATTCA ATTCTTCTTA TCTCAAACT TCCACGTAGC GGAACAATTT	2880
5	ACTGGTCAAA AAGGTTCTTA TGTACCTGTT AAGACAACAG TTGCAAACTT TAAAGATATC	2940
	TTAGATGGTA AATATGACCA TATTCCAGAA GATGCATTCC GTTTAGTTGG TAGCATGGAT	3000
	GATGTTATTG CAAAAGCTAA AGATATGGGT GTTGAAGTAT AACAATTAGG AGGAATGGAT	3060
10	AATGAATACA TTAAACCTAG ATATTGTCAC TCCTAATGGT TCTGTTTACA ATCGTGATAA	3120
	TGTTGAACTC GTTGTTATGC AAACAACAGC TGGTGAGATA GGTGTCATGA GTGGACATAT	3180
	TCCAACGTGA GCTGCTTTAA AAACAGGCTT TGTAAGAGTG AAATTTACAG ATGGAACGTGA	3240
15	ATATATTGCT GTAAGCGATG GCTTGTGTTGA AGTTAGAAAA GATAAAGTTT CAATCATTGT	3300
	TCAGACTGCA GAAACTGCAA GAGAAATTGA TGTGAAAGA GCTAAATTAG CCAAAGCAAG	3360
20	AGCAGAGTCT CACTTGGAAA ATGATGACGA CAATACTGAT ATTCATAGAG CCGAAAGAGC	3420
	TTTAGAGAGA GCAAATAACC GTTTCGCTGT GGCTGAATTA AAATAGTAAA TAAAGGGTCG	3480
	AAGATGTGAT TTCATATCTT CGACCCCTTTT TTGAATTATA TTGATTTAAA GATACAAAAC	3540
25	ATGAGAGGGG GGAAGGAATT GATAAAGAAC CATTAAAGAT TTATGATGTA GTGGTTCTTT	3600
	ATCATTAAAC ACAGCTAATG TGTATTTAAA AATAGGaayA CATgAGTAAA ACTCATGTAT	3660
	AAGAAATACT AATTTCTAAA GAAAAAGTAT TTCTTTATGT TGGGGCCCCG TCAACTACTG	3720
30	CCAAATACAA CACTATAGAG TCTAGACATT GATTTATGTC CGACTCCCAA GAATAGTTTT	3780
	ACTTTTTTAC AATCACTAAT AGATTGCTAA AATCAAAATT TCCTTCACCA CTATCTACAG	3840
	TCGACATTTT ATTTTTTGAA ATTATCTACA TTTTTTCATA CCAAGATATT TTATAGTTAT	3900
35	GATATTTATG TAAAAAGAAT TATATAGTAA GTTAGCTTAA ACTTTACTAA AAACGGGTAT	3960
	TAAACTTTGT ATCATTATTT AAATTTTTCA TGTACAATGT AATACAGTAA TCTTATGAGG	4020
40	TGATAAAATG GATTATATCG GACAATATGC AGTTATCCAT TTAGTGTTAC ATGTTGTATG	4080
	TATTTGTATT GCCTATTGGG CTTTACAATC AATTAGATTA GATCAATTTT TAAAAAAGG	4140
	ATACGCCACT CAATTACAAG TGTGTATGAT ATTTGTTGCT ATTTTATTAG GCACTGCAGT	4200
45	AAGCAATTTT ATTGTAGATT TGTTACAATA CTCGACGCAG GTAAAAATATT TAATAAAATA	4260
	AGTCTAACTC TATGATTTGT AATCAAACT AGATATAATT AAATAATGAC TTAATAAAT	4320
	TTTAAATAG GGAAATGTAA AGTAATAGGA GTTCTAAGTG GAGGATTTAC GATGGATAAA	4380
50	ATAGTAATCA AAGGTGGAAA TAAATTAACG GGTGAAGTTA AAGTAGAAGG TGCTAAAAAT	4440
	GCAGTATTAC CAATATTGAC AGCATCTTTA TTAGCTTCTG ATAAACCGAG CAAATTAGTT	4500

55

ACTAGAAGTG GATATTTAGT TATCACGAGT GATAAAGGTT TAGCAGGTGC ATATAGTGCA 1020  
 AACGTGCTTA AAAAATTGAT TACTGATATT GAAGCGAAAC ATCAAGATAG TAGCGAATAC 1080  
 5 AGTATTGTAG TTTTAGGGCA ACAAGGTGTT GATTTCTTAA AAAATAGAGG TTATGACATT 1140  
 GAGTATTCTC AAGTAGACGT ACCTGATCAA CCTTCTTTCA AATCTGTTCA AGCACTAGCT 1200  
 AACCATGCTA TAGACTTATA CAGTGAAGAA GAAATTGATG AATTAAATAT ATACTATAGT 1260  
 10 CATTATGTCA GCGTTCTTGA AAACAAGCCT ACATCTAGAC AAGTATTACC ATTATCTCAA 1320  
 GAGGATTCTA GTAAGGGGCA TGGTCATTTG TCTTCTTATG AATTTGAGCC AGATAAAGAA 1380  
 TCTATCTTAA GTGTAATCTT GCCTCAATAT GTTGAGAGTT TGATTTACGG AACAATATTA 1440  
 15 GACGCAAAAG CAAGTGAGCA TGCAACACGT ATGACTGCGA TGAAAAATGC CACTGATAAT 1500  
 GCAACTGAAC TTATTGATGA CTTATCATTGA GAATATAACA GAGCGAGACA AGCAGAAATT 1560  
 ACGCAACAAA TTTACTGAAAT TGTGTTGGT TCCGCAGCGC TTGAATAATA TTTAAAGGAG 1620  
 20 GAAAATAGCA TGGGAATTGG CCGTGTAAC CAAGTTATGG GTCCTGTAAT TGATGTTTCA 1680  
 TTTGAACATA ACGAAGTTCC TAAAATTAAT AACGCCTTGG TTATTGATGT GCCTAAAGAA 1740  
 25 GAAGGTACAA TACAACCTAAC ATTAGAAGTT GCGCTGCAAT TAGGTGACGA CGTTGTTTCGT 1800  
 ACAATTGCGA TGGATTCAAC TGATGGTGTC CAAAGAGGCA TGGATGTAAA AGATACAGGC 1860  
 AAAGAAATTA GTGTACCTGT TGGTGACGAA ACATTAGGTC GTGTATTTAA TGTACTAGGT 1920  
 30 GAAACAATTG ACCTTAAAGA AGAAATTAGT GATTCTGTTT GCCGCGATCC TATCCATCGT 1980  
 CAAGCACCAG CATTCGATGA ACTTTCAACA GAAGTTCAAA TTTTAGAAAC AGGTATTAAA 2040  
 GTAGTAGATT TACTAGCACC TTATATTAAA GGTGGTAAAA TCGGATTGTT CGGTGGTGCC 2100  
 35 GGTGTAGGTA AAACAGTATT AATCCAAGAA TTAATTAACA ACATCGCTCA AGAGCACGGT 2160  
 GGTATTTCTG TATTCGCCCG TGTAGGTGAA CGTACTCGTG AAGGTAACGA TTTATACTTC 2220  
 GAAATGAGTG ACAGTGGTGT AATTAAGAAA ACAGCCATGG TATTCGGGCA AATGAATGAG 2280  
 40 CCACCTGGTG CACGTATGCG TGTTGCATTA TCTGGTTTAA CAATGGCTGA ATATTTCCGT 2340  
 GACGAACAAG GTCAAGACGT ATTATTATTC ATCGATAACA TTTTCAGATT TACACAAGCT 2400  
 GGTCTGAGG TATCTGCATT ATTAGGTCGT ATGCCTTCTG CAGTAGGTTA CCAACCAACA 2460  
 45 CTTGCTACTG AAATGGGACA ATTACAAGAA CGTATTACGT CTACAACAAA AGGATCAGTT 2520  
 ACTTCTATTC AAGCGGTATT CGTACCTGCC GATGACTATA CTGACCCAGC GCCTGCGACA 2580  
 50 GCGTTTGCCC ATTTAGATGC AACTACAAAC TTAGAACGTA AATTAAGTGA AATGGGTATT 2640  
 TATCCAGCCG TGGATCCATT AGCGTCTACA TCAAGAGCAT TGGAACCATC AATTGTAGGT 2700

TATTGTGTCA GTTTCAGACA ATCACGATAT TATTGCTAAT TTGCCGAATC AAACGTATGC 1080  
 CAAATTATCT AATTATGATG AAGTAAGGGA AATGAATCGC CAAAATGTGC ACGTTGAATC 1140  
 5 TGTAGAAATT AATTTTCAAT CAGCTAAATT TGAAAATGGG TTTACGTTGC AAGATACACC 1200  
 AGGTGTTGAT TCAAATGTTG CATCACATCA GTCAATAACA GAACAATATA TGTATACAAG 1260  
 TAATATGATA TTTTATACGG TTGACTATAA CCACGTTCAA TCTGAACTTA ACTTTAAGTT 1320  
 10 TATGAAGCAT ATAAATGATG TTGGaATACC TGTTGTGTTT ATCATTAAATC AAATTGACAG 1380  
 CATCCAAGAC GATGGAATTG TCATTCTCTA CGTnTTAAAT CTCGAGTTGG AAAAATCAAT 1440  
 TGGC 1444

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 480:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6309 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 480:

GCAGCAGCTT ATCGTGAGTT ATCATTATTA TTACGTAGAC CTCCAGGTCG TGAAkCATAC 60  
 CCAGGTGACG TATTCTACTT ACATAGTAGA tTATTAGAAA GAGCAGCAAA ATTAAACGAT 120  
 30 GACTTAGGTG GCGGTTCAAT TACTGCATTA CCAATTATCG AAACACAAGC TGGTGATATT 180  
 TCAGCTTATG TACCAACAAA CGTTATTTCA ATTACAGATG GACAAATCTT CTTACAATCT 240  
 GATTTATTCT TCTCAGGTGT AAGACCAGCG ATTAATGCCG GACAATCTGT ATCTCGTGTT 300  
 35 GGTGGATCTG CACAAATTAA AGCAATGAAG AAAGTTGCTG GTACGTTACG TCTTGACTTA 360  
 GCGTCATACA GAGAACTTGA ATCATTGCA CAATTCGGTT CAGACCTGA TGAATTTACT 420  
 GCAAGTAAAT TAGAACGTGG TAAACGTACT GTTGAAGTCT TAAACAAGA TCAAAACAAA 480  
 40 CCATTACCAG TCGAACACCA AGTGTTGATT ATTTATGCAT TAACAAAAGG ATATTTAGAT 540  
 GATATTCCAG TTGTAGATAT CACACGTTTT GAAGACGAGT TAAACCACTG GGCAGAATCA 600  
 AATGCTACTG AACTGTTAAA TGAAATCAGA GAACTGGTG GCTTACCAGA TGCTGAGAAG 660  
 45 TTTGACACAG CAATTAACGA ATTCAAAAAA AGCTTTAGCA AATCTGAATA ATAAACAAGT 720  
 TTAGTATAAG GTGGTGAGAT AGTGGCTTCT CTTAAAGAAA TAGATACTCG AATAAAATCA 780  
 50 ACCAAAAAAA TGAAGCAGAT TACGAAAGCG ATGAACATGG TATCAAGTTC AAAACTTCGT 840  
 AGAGCTGAAA AAAATACAAA ACAATTCACA CCATATATGG ATAAATGCA AGATGCAATT 900

GAATATATTT TTCGTTTCGTT TCTGGATCAT GGTATCTGAA ATCTTCACCA GAGTGTTCAG 540  
 CATGTTTACG TAAGTCGAAG TCTGTACGAC TTGCGATACC CCATAACTCA CCCCACCAA 600  
 5 ATGGGAATTT ATATTCAATA TCAGTTGTTG CATTGAGTA ATGAGATAAT TCATCTTCAT 660  
 CATGATCAGG TAAACGCATA TTTTCACTGC TCATATTTAA GCTTGTTAAC CAGTCACTTG 720  
 CAAAAGTTTT CCAATAATTT TGCCATTGCA TTTCTTCTCC AGGTTTACAG AAGAATTCAA 780  
 10 GTTCCATTG TTCAAATTCT CTTGTTCTGa AAATGaAGTT ACCTGGAGTG aTTTCaTTAC 840  
 GGaATGaTTT ACCAATTTGG ACCGG 865

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 479:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1444 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 479:

TAATGAGTAA ATAAGTACCA GATAAAATCA TGAATATCAT CCAACATGCG GTTAACTCTA 60  
 CTAAATAATT AATAATAGTA TTTTCAGTAA ACAAAGAACT ATGTATACTT CGCATCACAT 120  
 TAGAATACGT ATGTTTCGCA TTTTGATCTG CAACAAATTG ATTGTTATGA TCTAGAAAGA 180  
 30 CGTAACGTTG ATTTCTGCGC ATATCACTCA GTGTAATTG TTTGTTATAT GGTTCATCAA 240  
 GTATGCTAAC TTTACTTACA AAGAATCCTT CATATTGTTG TTCAACTTGA TGTACTGCAT 300  
 CATTTAATGT TTGATGCGTT TTTACATCAC TGTCACCAAA AAACTCATTG TTATAAATAT 360  
 35 TATTTTCAAC TTCTGGAAAG AACAAGTAAC CAATGCCCGA AATGGTTAAA GTGATTAACA 420  
 GTGGAGCAAT AAATATTGCT GCATAGAAAT GTAATCTTTG TAATGGATTA AATGTATTTT 480  
 TCATATTTCC CTCCCAATTG GCTATTATAC GGTGTCAATT CTGTGATGTG TGTGAACAAA 540  
 40 CTGTGACAAT ATTTATTTTC TAGAAAAATT TAACGATGAT TTGTGATTTT TAGAAAAATG 600  
 AACTTTTAAG TTGGAATGTT TGAAGAAAAT TGATTATTCG TATGTTTAT CAAGCAGCTA 660  
 TGATAAAATT TAAACATAAT ACAATGCGAG CCATTTAACG ATCTATGTTT AAATGGACAT 720  
 45 CGATATTGTA TGAATTCGTT GTAACAAGCA AGCATTTCTA TGTGAACGAA CCAAAGGGGA 780  
 AAGTAACATG ATTAATAAAG AACAATTAGA TCTTTTATAT AAATTAAAAA AAGAAGTTGA 840  
 50 AAAGTCGCGA AATGAAGCAC TTTTACATAC AATTAACCAA GTAATTAAGA AAGTATATTT 900  
 GCAGCAATAT ACATGTTCTG TCGTTGGACA TTTTCTGCA GGTAATCGA CACTGATAAA 960



ATTGAAAAGT ACGATGGTCA CATTGTAAGA TTTGTGTCTG ATGAAGACGA ATTAGATGCA 1440  
 GGTGTCCGCA ATCATTATA TGAACTGCT GGAGAAAAAA TAGTACTTAA AAATGGAGAA 1500  
 5 GGCCATGCAA TGAGTGGTAT TTTAATGAGC AGAACACAGG CTATAATCTT AGCTGAATTA 1560  
 AACAAAGTTA AAGGCTACCA AGACGAAAAT AATAAAGCAT TAAAATCCGT TCGTAAACAA 1620  
 ACGAGGCATA GATTACATAA AGTAGAGACG TTAAGAGCGA ATTGGATTCA AACACGGGT 1680  
 10 GGATCACTCT CTCCTCCCw ACAACAATTA TTAGAAGCTT TAACAGCACT AACCATTGCC 1740  
 GAAGGCTTAA ATCAATTAGT GAATGAAGAA AGCCAACATT TGAAAAAATG TATCACGCGA 1800  
 TGGCACATAA ATTTGGAGAC AACTGGAAAA AAGCGCAAGA AGTTGGAAAT GAAATTGGTG 1860  
 15 AAAAAATTAAC CTCTGAAGAG GTTATAGATG rATTAAGAAA AGGTGGCGCG TATGAAAGTa 1920  
 AACTTGAAAC AGATCCCCAA AGAAAAATTG ATGATAAGAT AAAGAAATTA AATGATGTTT 1980  
 ATAAAAATTG TAATGGCTAT ATCGCAAAAA TTAAACAGAG TATCGAAGCA ATTGTTTCTA 2040  
 ATGACCAAAT GTTAGCGAGC CAGATTGATG GGATGATGTA ATGTTTACTA CGTATAAnAA 2100  
 TATTAATGAA CTGAAAATG CCTATGATGA AGAAAGAAAA CAATTGAATG ATGCATTCAA 2160  
 25 TCAAATTGAT GAATTAAGAC ATCAAACACG CAAGAmATGT GAACAAATGT ATGATCATTT 2220  
 CTTATATCTC AAACATAAAA TGAATTmymS TGAAGACGCT ATGATCAGGA TGACACGTAT 2280  
 TATAGAATCT TTCGATAGAG AAACGAATCA ACGTATCCGA CATCACGAAA TG 2332

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 478:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 865 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 478:

TTTACTACCC AGTATCTCTT TTTATAAATT ATATAGCCAC CACATATGGT GGAAAGTCTT 60  
 TTTAATTAGA ATTTTGTTTT TTCAGTTAAG AAAGCTTCTA ACTCTGAGAT TGGCATACGA 120  
 45 ACTTGTTCCTA TTGAATCTCT GTCACGTAAT GTAACCTGAT TATCTTCTAA TGAATCAAAG 180  
 TCGAATGTtA CACAATAAGG TGTaCCGATT TCATCTTGAC GACGGTATCT TTTACCGATA 240  
 GATtGTGATT CATCGAAATC GATTGAGAAT TTAGAACTTA ATTGCTCAA AATCTTAATC 300  
 50 GtTCGCCAGA TAATTTCTTA CTAAAGGTA AAATCGCTGC TTTATATGGT GCTAATGCAG 360  
 GATGGAAGTG TAAACTGTA CGTGCACTTT TACTACCTTC AACGCCTTCT TCATCATATG 420

CTAAAGATTT AAGGGTGGCT TATGAACATG ATATTACAAA ATC

1183

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 477:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2332 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 477:

GGTTATATGT TTGGTATTAC TCATTATATT GATTGGAGGT TGTGTCATTA TGACAAAAAC 60  
AAATGGTCGA AACGCTCAAA TTAAAGAAAA TTTCAACAAA ACATTAAGTG TATATCTAAC 120  
CAAGAATCTC GATGATTTTT ACGATAAGGA AGGTTTTCGA GATCAAGAAT TTGATAAAAG 180  
AGATAAAGGG ACTTGGAATTA TTTATTCTGA AATGGTTATC GAACCAAAAG GGAAnAATAT 240  
GGAATCGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAa TCGCAATACT AGAACmACGA AGGGTAATTT 300  
TATTGTCACC GAAATAACTG AAGATAGTAA AGGATATTCA CGTAGTAAAG AAAAAAATA 360  
TCCTGTCAAG ATGGAAAATA ATCGAATTAT TCCAACAAAG CCTATACCGG ATGACAAGTT 420  
AAAAAAGAG ATTGAAAAC TTAAGTTCTT TGTACAATAT GGAAATTTTA AAGATTTTAA 480  
AGATTATAAA AATGGTGATA TTTCATATAA TCCTAATGTG CCAAGTTATT CTGCAAAGTA 540  
TCAATTGAAT AATGATGACT ATAATGTTCA ACAGTTAAGA AAACGATATC ATATTCCAAC 600  
CAAACAAGCG CCCGAATTAA AATTGAAAGG ATCCGGCAAT TTAAAAGGCT CATCCGTAGG 660  
ATCTAAGGAT CTAGAATTTA CGTTTGTAGA AAATCAAGAA GAGAATATCT ATTTTTCAGA 720  
TTCGGTCGAA TTTACACCTA GCGAGGATGA TAAATCATGA GTCAAACGGA ATATCAAATA 780  
AAATCTGGCA ATATAAAAGG TAACTCTGAA GAAACAAGTA CAGTATCTAA TATAAGTTAT 840  
GAAATAGAAA ACGCAAATAA CAGTGGTTTA AAACAAATA AAATTGATAA ACAAATTAAA 900  
AAGTTACAAG AAAAAAATAA ATTCCCTAAA AATCTTTCAT ATCTTAAAAG TTATACGGAC 960  
CCCAAAACAG GCACGACTAC AAGCGCCTTT TTAAATAAAG AACTGGCAA AGTTACTTTA 1020  
GGTATGACAG GTACTAATGT ACACAAAGAC GCAATATTAA AACAAACATT TGGTGTTCCT 1080  
TCTTATCAAG GATATATAGA CGTGAGTGAA ACgCTaAAAG ATATTGGGGC CGATGTCAAT 1140  
ATTGGCCTTC ATTCCGTCAC AGATAAAGAT CCACATTATA AAAATACCCA AGACTTTATC 1200  
AAAAATATCA AAAAAGACTA TGATATTGAT ATTATTACCG GACATTGCT GGGCGGTAGA 1260  
GATGCGATGA TTTTAGGTAT GAGTAATGAT ATTAAACATA TCGTTGTGTA TAATCCAGCT 1320

GCGTTGGAAA AATTACGTCA CAATAAGAG ACAGCATTta GGctACGCAA ATAAATTTAC 660  
 TCGAAAATTA CATCCGTATG AAGGTAAACA GTATGAATTA ATCATAGATA TTTTGGATAA 720  
 5 TGATGCTACC GAAGTGTA CTGTAATTACG TACATCTAAG ACTTCTTCAA CATTAAATTGC 780  
 TTATAACAAG CGTGAAAATA AAATAACATT AGATCGCAGC GACAGTGGTT TATTGCCGAC 840  
 AAATGTTGAA gGTACGACGC GTAGTACGAT ATTAGACACG CCATTAA 887

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 476:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1183 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 476:

TTGGAAaCAA AAAACCATTG GTAAACCGTG TThAACCGGA TTTCCGATGG ACCTTTTAAA 60  
 ACnACCcAAAT AGAAAGCTTT GATAAAAGGT AATTATGGTA CTGATAACAA ACAAGTTCAA 120  
 25 AAACATCATG ATTTAGTACG TATGCTTTTG ATGGATCAAG ATGGTTTTTT AACTGAAAAT 180  
 AATAAAGTTG ATCATTTTCAT TGATGGAAAT GATTTATATG ATCAAGTTTT AAAAGATATT 240  
 AAAAATGCAA AAGALATATC CATTIAGAGT ACwATACTTT CGCTTWAGAT GGTTWAGGTA 300  
 30 AAAGAATTTT ACATGCTTTA GAAGAAAAAT TGAAACAAGG TCTAGAAGTA AAAATATTAT 360  
 ATGATGATGT TGGATCTAAA AATGTTAAGA TGGCAAATTT TGATCATTTT AAATCGTTAG 420  
 GTGGAGAAGT TGAAGCATTT TTTGCTTCAA AATTACCGTT ATTGAATTTT AGAATGAATA 480  
 35 ATAGAAATCA TAGAAAAATC ATCGTAATCG ATGGTCAACT AGGTTATGTC GGAGGATTTA 540  
 ACATTGGTGA TGAATATCTm GGATTAGGAA AATTAGGATA TTGGAGAGAT ACGCATTTAC 600  
 GTATACAAGG GGATGCGGTT GATGCACTGC AGTTGCGATT TATTTTAGAC TGGAATTCGC 660  
 40 AAGCGCACCG TCCACAATTT GAATATGATG TTAAGTATTT CCCTAAAAAG AACGGACCAT 720  
 TGGGCAATTC ACCAATTCAA ATAGCTGCAA GTGGCCCGGC TAGTGACTGG CATCAAATTG 780  
 AATACGGTTA TACAAAAATG ATTATGAGTG CAAAGAAATC TGTATATTTA CAATCACCAT 840  
 45 ATTTCAATTCC GGATAATTCA TATATaATG CCATTAAAT TGCTGCTAAA TCAGGTGTAG 900  
 ATGTACATTT AATGATTCCA TGTAAGCCAG ATCATCCATT AGTATATTGG GCGACATTTT 960  
 50 CAAATGCCTC TGACTTATTA TCAAGTGGTG TTAaAATTTA TACGTATGAA AATGGATTTA 1020  
 TACATTCTAA AATGTGCTTA ATTGATGATG AAATCGTATC AGTGGGCACA GCAAATATGG 1080

TGACCAAGTA CGTTTCGAAG TTGCCATTAA AGCATTAAAC CCATCATTGA AAGCATTGCG 60  
 ACCTGTACGT GAGTGGGCAT GGAGTCGTGA AGAAGAAATC GATTATGCAA TTAAACATAA 120  
 5 TATCCCTGTA TCAATCAACC ATGATTCAAC TTATTCTATC GATCAAAATC TATGGGGCAG 180  
 AGCGAATGAA TGTGGTATTT TAGAAGATCC TTATGCTGCG CCACCAGAGG ATGCGTTCGA 240  
 TCTAACAAAT GCTTTAGAAG AAACACCAGA TACTGCTGAT GrAATCATTI TAACGTTTGA 300  
 10 TAAAGGCATC CCAGTTCAAA TTGATGGCAA AACATATGAA TTAGACGATT TAATTTTAAC 360  
 GTTGAATGCA TTAGCTGGTA AGCATGGTAT CGGAAGAATT GACCATGTAG AAAATAGACT 420  
 TGTAGGTATC AAATCAAGAG AAATTTATGA GGCACCTGCT GCAGAAGTTA TTTTAAAAGC 480  
 15 GCATAAAGCA TTAGAAACGA TTACGTTAAC GAAAGATGTC GCACACTTTA AACCAATCAT 540  
 TGAGAAGCAA TTTGCTGAAC AACTATACAA TGGACTTTGG TTCTCACCTT TAACTGATAG 600  
 CTTGAAATTA TTTATTGATA GTACTCAGCA ATACGTAAGT GGTGATGTCA GAATTAAATT 660  
 20 ATTCAAAGGT AATGCCATCG TGAATGGTAG AAAATCACCT TACACATTAT ATGATGAAAA 720  
 ATTAGCAACT TATACAAAAG AAGATGCATT TnATCAAGAC GCTGCTGTTG GCTTTATCGA 780  
 25 TATCTATGGT TTACC 795

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 475:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 887 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 475:

CGATTGAAAG AAGACGGTTC AGTTGAAAAG TTTCCAAAGC CAGTAATTAG CCAACAACCA 60  
 GAAGGATATA CGAGTCATTT TAGAGATCCT AAAGTTTTTA AATATGATGr GaAATATTAT 120  
 40 GCAATCaTTG GTGCMCaAAA TAATGATCaG CaAGGTCGAT TATTACTTTA TAATACTGAA 180  
 GATATAATTA ATTGGCATT TTTAGGTGAA ATAAATACAG AGTTGGATGA TTTTGGATAT 240  
 ATGTGGGAAT GCCCAGATTA CTTTAATGTA GATAATCAAG ATGTCATACT TATTTGTCCA 300  
 45 CAAGGTATTG AACCAAAAAGG CGATCAGTTC AAAAATATTT ATCAAAGTGG TTATATACTT 360  
 GGAAAGTTTG ATATTGAAAA GTTAACATAT GAACATGAAA ATTTTGTCGA GCTTGATAAT 420  
 50 GGTTTTGATT TCTATGCACC TCAAACATTT TTAGATGAAA AAGGCCGACG AGTACTAATT 480  
 GGATGGATGG GGTACCAGGA AATCGAATAT CCTACTGATA ATGAAGGATG GGCCCATTCG 540

CCTCAACGA ACTTTGCGTT ATCTCTTAAT AAATCGATAA CTTTTTGGAT ACGAACATCA 360  
 TTTTAAATGA TATCAGTATT ACCTAAAGTA TTTTGGATAT CTTCAACTGA GATATTAAAT 420  
 5 TGTTTACTCA TTTTTTCTAA TTCTTTATCG ATATCTTCAT CAGTAGCTTC GATTTTTTCA 480  
 GCTTCAGCGA TCGCAGTTAA AGTTAAGTTA GTTTTAACAC GTTGTCTGTC ATCGTCTTTC 540  
 ATTTGCTCTC TTAATTGAGT TTCATCTTGA CCTGAGATTT GGAAGTACGT TTGTAAATCT 600  
 10 AAACCTTGTT GTTGAATTCT TTGTGCAAAT TCAGACACCA TACGATCTAA TTCAGTATTA 660  
 ACCATTGCTT CAGGAATATC GATTGTTGTA TTATCAGTAG CTTTTGTAAT CGCTTCTTCT 720  
 TTTTCAACAT TTTCAGCATC TGTAGCTTTT TGTTCAGCTA AACGTTTACG TAAGTTTTCT 780  
 15 TTGTACTCGT CTACTGTATT TGCTTCTGCA TCTAATTCAT TAGCAATTTT ATCTGTTAAT 840  
 TCTGGGACTT CTTTAAATTT AATTTCTGTTA ACTTTTGTTT TGAAAGTTGC TTCTTTACCG 900  
 GCTAATTCTT CAGCATGGTA TTCTTCTGGG AATGTTACGA CAACATCTTT TTCTTCGTCA 960  
 20 ACTTTCATAC CTTCTAATTG CTCTTCGAAA CCAGGTATGA ATGAACCTGA ACCGATTTCT 1020  
 AAATCGTAAC CTTCAGCTTG TCCACCTTCG AATTCTTCTC CGTCAACTGA ACCACTAAAG 1080  
 25 TCGATGTTAA CTGTGTCGCC ATTTTCAACA ACACCATCTT CTTTAACGAC CATTTCAGCT 1140  
 AAATGTCCTA AGCTGTGGTC AATCGCTTCT TGTAACATCAT CATCAGATAA TTCAGTTTCT 1200  
 TGTTTTTCAA TTTCAAGACC TTTATAGTCT CCTAATTTAA CTTCTGGCTC AACTGTAAC 1260  
 30 GTTGCTTCAA AAATGAAATC TTTACCTTTT TCAATTTGAG TAACACTTAC TTCTGGTTGT 1320  
 GCAACTGGTT TAATATCAGT TTCGTCAATT GCTTCACCAT AAGCATCTGG TAATAAAATG 1380  
 TCGATAGCAT CTTGATATAA TGCTTCTACA CCAAAGCGTT GTTCAAAAAT TGGACGTGGC 1440  
 35 ACTTTACCTT TACGGAATCC AGGTACGTTA ATTTGTTTAA CCACTTTTTT GAATGCTTGA 1500  
 TCTAACGCTT TGTTTACTTT TTCTGCAGGA ACAGTAACAG TTAATAAACC TTCGTTACCT 1560  
 TCCTTTTTTT CCCAAGTTGC TGTCATGTAT ATATACCTCC ATGATTAACT AATTTATTTT 1620  
 40 TTCAACTTCC CTATTATATC ATACGTCTAT TCCCTATACA AACATTGAAA TCACAACGTT 1680  
 TATATATTTG TAAATCAACT TTTTTCGTCA AAAC 1716

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 474:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 795 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

AGGGTTCATT TCACCCAAAC CTTTGTAACG TTGTAACGTG AaGCCTTTAC CAAGTTCCTT 5760  
 TTGCAATTTA TTAAGCTCTT CGTCTGTCCA AGCGTATTCA ACTCGCTTTG TTTTGCCTTT 5820  
 5 ACCTTTTTC AATTATATAA GTGGAGGTAA AGCAATAAAT ACACGACCTG CTTGAACAAG 5880  
 CGGTTTCATA TATTGAAGA AGAATGTTAA CAATAGCACT TGAATATGCG CACCATCAGT 5940  
 ATCAGCATCA GTCATAATAA TTACACGATT ATAATTACTA TCTTCAATTT TAAAGTCAGT 6000  
 10 ACCAACGCCT GCCCCGATTG TGTGGATAAT TGTATTAATT TCTTCATTTT TAAAAATATC 6060  
 TTCTAGACGT GCTTCTCTG TATTAATTAC CTTACCACGT AATGGTAATA TCGCTTGGAA 6120  
 TTTGCGGTCT CGTcCAAGTT TTGCTGAACC TCCCGCAGAA TCACCTTCGA CTAAATACAA 6180  
 15 TTCATTTTTT TCAGTGTTTT TACTTTGTGC AGGTGTTAAT TTACCAGATA GCAAAGTGTC 6240  
 TTTACGCTTG TTTTCTTAC CTGAACGAGC ATCTTCACGA GCTTTACGTG CAGCTTCCCT 6300  
 TGCTTGTTGT GCTTTAATCG CTTTTTTCAC AAGTGATTTA GACAATTGTC CTTTTCTTC 6360  
 20 TAAATAGAAT GGCAATTTGT CTGCAACAAC TGAATCAACA GCACTTCTAG CTTCAGAAGT 6420  
 ACCCAATTTA GATTTTCGTTT GTCCTTCAAA TTGCAATAAT TCTTCTGGAA TACGAACAGA 6480  
 CACAACAGCT GTTAAACCTT CACGAATATC ATTACCATCT AAGTTTTTAT CTTTGTGTTT 6540  
 25 AAGTTCATTA ATACGACGTG CATAATCATT AAATACACGT GTCATTGCTG TTTTAAAACC 6600  
 AACTTCATGT GTACCACCAT CTTTAGTACG TACATTATTT ACAAACCTTA AAATACTTTC 6660  
 30 TGAATATTGA TCATTATATT GGAAAGCTAC GTCTACCTCT ATACCATTG CTTCACTGA 6720  
 AAATGTAGCC ACGTCATGCA AAAGTTCTTT TCCTTCATTG ACATAACTAA CAAACTCTTT 6780  
 GATTCCTTCT TATAATGGTA TGTCTT 6806

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 473:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1716 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 473:

GGGGCAAAAA TTCCAATACA CTCATTACCA AATATATACA CCACTTCCTG CTACAAGTnn 60  
 TTTTACTTGA TCTTGGTCTT TTCCGCAGAA AGAGCATTTT CAAATTTTCT TCATCTTCCA 120  
 50 TTGAATTTAA ACATTCTTTT TACACCCCTA TTCGTAAAG ACTATACTAG ATTGGATGTT 180  
 ACAATGCAAC ATATTAACAT ACAAACCTTT TGCTTAAAGA ATAGTAGCAG ATACATAAGC 240

	TAAAGCTACG AATAGAAGTA CGTTTAAATAT ATCCATGACG TGTCATACTT AAAATAACTY	3960
	CTTCACTAGG CACCATAACT TCTTTGTCAA TTTTAATTTT TTCAATTTCT GCTTCAATTA	4020
5	AAGACAGTCG TTCAGATTTG AATTTCTTTT TAATTTCAAT CAATTCCTTCT TTTATGACAT	4080
	TCAATAATGC ATCATGGTTA TCAAGAATAT GACGTAATTG TTTGATTAAT GCTTCAAGTT	4140
	CTTTATGTTT ACCTTCAAGC GCAACTATGT CAGTATTTGT TAAACGATAT AACTGTAACA	4200
10	TTACAATTGC TTCAGCCTGT TCTTCTGTGA ACTCGTATAC TTCGATAAGG TTTTCTTTAG	4260
	CGTCACGCTT GTTTTLAGAG CWACGAATCA ATTCGATTAC TTTATCTAAA ATTGACAACG	4320
	CTTTAATCAA ACCTTCAACG ATATGCATAC GTTTTTCTGC ATTATCTAAT TCAAACCTTCG	4380
15	TTCTATTTGC AACAACTCA ATTTGGTGAT TCAAATAACT ATCTATAATT TGACGAATAC	4440
	CCATCAATTT TGGACGACCA TCACTAATAG CGACCATGTT GAAATTATAT GAAATCTGTA	4500
20	AATCAGAGTT TTTATAAAGA TAATTTTGA TTGATTCAT GTTCACATCT TTTTCAATT	4560
	CAATTGCTAT TCGTAAACCA GTTCTATCAG TTTTCATCAG TACTTCAACG ATACCATCGA	4620
	CTTTTTTGTC AGCACGTAAT TCATCGATAC GTTTTACTAA GCTACTTTTG TTCACTTCAT	4680
25	ATGGAATTTT AGTAATAATT AACTGTTTAC GTCCATTGCG TAAAGTTTCT TCTTCAACTT	4740
	TAGAACGAAC TATAATTCTA CCTTTACCTG ATTCATAAGC TTTTTTAATA CCATCAATAC	4800
	CTTGAATAAT ACCACCAGTT GGAAAATCAG GACCTTTAAT ATATTTCAAT AATTGATTGA	4860
30	CTGTAATATC CGGATTATCA ATATATTTAA GTGTTGCTTG AATCACTTCA GCTAAATTAT	4920
	GTGGTGGTAT ATCTGTCGCG TAACCTGCAG ATATACCTGT AGAACCATTG ACTAGTAAGT	4980
	TAGGAAATCT TGATGGCAAT ACCATTGGTT CGAGTGTCGT ATCATCATAG TTTGGAATGA	5040
35	AAGAACTGT CTCTTTATTA ATATCACGTA ATAACCTTTC AGCTAGTAAG CTTAACTTAG	5100
	CTTCAGTGTA ACGCATTGCC GCTGGCGGAT CATTATCGAT ACTACCATTA TTACCATGCA	5160
	TTTCTATTAA GACATGTCGT AACTTCCAGT CTTGACTTAA ACGGACCATT GCTTCGTACA	5220
40	CTGAGGAGTC TCCATGTGGA TGATATTGAC CAATAACATC ACCGACTGTT TTCGCACTTT	5280
	TACGGAAATT TTTATCGTGT GTATTACCAC TTGAATACAT TGCATATAAA ATACGACGTT	5340
	GTA CTGGTTT TAAACCATCA CGAACATCTG GCAATGCACG CTCTTGAATA ATATATTTAC	5400
45	TATATCTTCC AAAGCGATCA CCTAAAACAT CTTCAAGTGA TAAATCTTGA ATTATTTAC	5460
	TCACTAGATT TCCTCCTCAT CAAATTGATC ATTTTCAAGC ACTTGTA CT CAGAATTATC	5520
50	TAAAATACTT TGGTCCTCTT GCATACCAA CTCAACATGC TTTTCAATCC ATTCACGTCT	5580
	AGGTTGTACT TTGTCACCCA TTAATGTTGT TACACGTTTA GATGAACGCA CTTTCATCTC	5640

55

GCAATATTAC TAAAACCATA CCAATGTAAA TGATAGCCAT AATCGGTACA ATTAACGAAG 2160  
 ATAACGTAGC AATACTACGT ACACCACCAA ATATAATAAT AGCTGTTACG ATTGCTAAAA 2220  
 5 TAATACCTGT GATTACTGGA CTAATATTAT ATTGCGTATT TAACGACTCC GCAATTGTAT 2280  
 TAGATTGCAC TGTGTTAAAT ACAAATGCAA ATGTAATTGT AATTAAAATC GCAAATACGA 2340  
 TACCTAGCCA TTTTGTATTT AAACCTTTAG TAATATAGTA AGCTGGACCA CCACGGAATC 2400  
 10 CACCATCTTT ATCATGTACT TTATAAACCT GAGCCAAAGT CGCTTCTATA AATGCACTCG 2460  
 CTGCACCTAT AAATGCAATA ACCCACATCC AAAATACTGC ACCTGGACCG CCTAAAACAA 2520  
 TCGCAGTCGC AACACCAGCA ATATTACCAG TACCAACTCT CGAACCAGCA CTAATCGCAA 2580  
 15 ATGCTTGGAA TGGCGAAATA CCCTTCTTAC CATCTTCTAA AGTTTCTGGA CGTTCTACTA 2640  
 AAGCTCTAAA CATTTTCAGGT AACATTTCGT ATTGAACGAA TTTAGAACTA ATCGTAAAGA 2700  
 AGAATCCAGC TGTCAATAAT AGACCAATTA AATATTGAGA CCATATTAAA TCGGTACCAA 2760  
 20 CATGGACAAA TTCTTTAAAC CATCCAGGTA TTAAACTATC GAAATCTTTC AAAATAAACC 2820  
 CCTCGCATCC TCTACATGAA TCATGTACCT TCTATAAAAT TAGACCGAAT TGAACCTTCA 2880  
 25 GTAAATATAG AGATACATCA TCATTTCTTA TACAATACAA GAGATTTATA TTAGTTTGGT 2940  
 CAAAGTATAT CGCTAATTTA ACGATAAGTA CTTGGTCAGC ATTTAATATA AATCCCTTGA 3000  
 ATTTAGTCAA AATTTAACAT TACTGTATTT TATCATTTAA TTTCGTGATT GCATATAGTT 3060  
 30 TTTAGCTAAT ATACATGTCT ATTACTTCAC CAAAATCATC TGTATCTACA ATGAATGAGC 3120  
 CATTTGTATA TTGTTTCAGAT TTATGAATAT CATTAAATTAA ACCATGTTCT TCATTTGATT 3180  
 TTGAATATAA TGTATATTGA CTATGTTTAC CTGTCACTAC ATGTGCAGCT ACAATACGAT 3240  
 35 GTGGATTTTT CTTTAATTCT TTTAATAAAG TTATTCCaCG TTGTGCTCTT TTAGCAACTT 3300  
 GTAAGATTTT AAAACTAATA CGTTTTAAG AGCCGCGTTG TGTGGCCATC AATATAGTAT 3360  
 CATTTTCAGA AACACCTTCT GTCATAACAA CGAAATCTTC AGCTTTAAGA TTTATTGATT 3420  
 40 TAACACCAGC TGCCCTTAAT CCGGTATCTG ATAGTTCACT TGTATTATAC GTTAATGACA 3480  
 TACCTTTATT AGTAATGACG GTAATTAATT GATCTTTTTT AAAGCGCATA AACTAATCA 3540  
 AATCATCATT TTCTTTAACT TTAGTAGCAA TTAAAGGTTT ATTAACACGC GTTGTTTTAA 3600  
 ATAGAGGCAC TGTACTTTTC TTAATCATGC CATTTTGAGT CGCAAAAACA TAAATGCAAT 3660  
 CTGTATTAAA GTCCTTTTCA TTAAAGACAT TAATAACCAC TTCATCTTCT TCGATAGGAA 3720  
 50 CTATTTGTGA TACATGTTGT CCCAATTCTT TCCAACGAAT ATCTGCTAAT TTATGAACCG 3780  
 GTATAAATAG ATAACGACCT TTATTTGTAA ATACTAGTAC GGTATCTTGC GTATTTACTT 3840

55



	TTAATAACAT TATTnGATCA AGGTCATCTC ATGCATAGAT AAATCTTCTG TATTaGATGC	360
	AATATGTAAT GCAATAAATC CTATCTCATC TTCAGGaAAA TGtaCATCTA ATGCTGCATT	420
5	TAAGTATCA ATCACCTGTT TAGCAATATG ATATGCATCA CTATATAACT GCATAGTTTC	480
	CATAACAAAT GGATTGCTAA TAACTTGATT TTGTTTTAAG CGTTTATAAG CAAATATAAT	540
	ATGATCCGTT AATGAAACTA CAAGTTGTTT TGAATCAACA TTCATCGCAG TATTAGAAAT	600
10	AAAATTCAAC GAATCAATAA TTAAGTGTA TACATTATCA TCAGCGATTT CAACTAAACT	660
	TTTATAATGT GCTTTTTGTT GCTCACTTTC TAATTTATAA ATTTTCTCTA TTGTAATAGT	720
	TTGGTCGTTT AACGCCATTC CCTCTTTTTT GTTAAAACCA ATACCTTTAC CGATTAAAT	780
15	AACTTCTTGA TCATTATTAG TACATACTAC GACATTGTTG TTCAATGTTT TAGTAACAAT	840
	ATATTCTCCC ATTATCATCA CCTATTTTTT TATTATTAAG ATTATATATC GGAAATGTCT	900
20	AACTTGAAAG TATAATAATT TAAATACTTG TGTCTATTA CACGCCTATC CTATATGATA	960
	TATCTTAATT TAATTTGAT GTCTCTCAA GTGGAATAAC TATAATAAAA AAATCTGACT	1020
	CCCATATTTA CAAATAATTC TATTTATTTA TATATTATCT GAATTAATAC TCAATACAAA	1080
25	CTAAAACGTA CTATTAAATT GTGCAAAGCT AAAACAAATT TATATTCATC TATCCAACAA	1140
	TATGTCTTAT CAATGGTATA GTCTTTGCAC ACCAATGGAG GAAATAAATC TCAACCTTAC	1200
	TATATTAATA TATAATCAA TCTTAGATTA ACTAGTGTA TGATACAGAT GATAATTGAG	1260
30	TACAAATTTA AAACCCTGAG ATTTTCGCTT TAATTTGAAA ACCTCAGGGT TTATTTGATT	1320
	TTTATATAAT GAATCGTTAC ATTAATAATA TTTATTTATC AGAGTTCTTA TATTTGTTAG	1380
	CGCCCCAAGC ACTAATTCCA AATAAGTTAA TTTCTAAGTT TTCAGGTTTA AAGACAGGGT	1440
35	TCTTGCCTTC TTTTTTCTGC TTTTGATAAT CTTTCATCAA TGCAAAAGCT ACATTGGACA	1500
	GTCCTATAAT GGAAATAATG TTTACAATTG CCATTAAGCC CATAAATAAG TCTGCCGTAT	1560
40	TCCATACTGT TTCTGTTTTT ACAACTGCAC CGACAAAGAC AAGTACTACA ACAAGACATC	1620
	TAAAGATAAA TAATATTACA CGGTTTGTTG ATAAAAATTC AATATTAGAT TGACCGTAAT	1680
	AGTAATTACC TACAACAGAT GAAAATGCAA ACAGTGTAAC tGCTaTTGTT AAGAAAATAC	1740
45	CTCCAGCAGA ACCTAAATGC TCATTAAGTG CTGATTGAGT AACTGCAACA CCTTGAGGTG	1800
	CGTTATCACC AAATTTTCACT CCTGAATATA GTAAAATCAT GATTGCAGTT GCTGTACAAA	1860
	CCAACATTGT ATCAAAGAAC ACACCTAATG ATTGGATTAA ACCTTGCTTA ACAGGGTGTG	1920
50	GTACGGCAGC AGTTGCCGCT GCATTCGGCG CAGAACCCAT ACCAGCTTCG TTAGAGAATA	1980
	AACCACGTTT GATACCTTGA AGAACCGCAG CACCTACAGC GCCACCAGTT ACTTGTTCTGA	2040

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 471:

5 TTATTGTTTT CCAAATGGTC TTCTCGGTTA TTTAACCATC GGTTC AATC CTACGTGCTT 60  
 CACTTTCTAT CtATTAAATC AaTTTCAGCT TGACCACCCG CTGTATAAAG GGTCAAAGTT 120  
 GCTAATCGAT AGCGTCTCAT TATAGGACCA ACATCGATAT CAATATTTTG AATACGAAAA 180  
 10 TATGGTATTA CCTTTTCATC CAAAAATAAA ATGCCGTTTC GTACACGCAA ATGGTGTTTT 240  
 TCAAATGCAT ATCTGCAGTG CTTATATCGA TAGACTGGCG CTATAACAAG CGTGAAAACA 300  
 GCAACAAGTA ATATTATAAT CACACTACTA ACAATGGATA AATGGTTATC TAAATCTCC 360  
 15 CAAATAGCC AGTTC AAAAT ATTAAATGCG ATTAAAAGTA CAAGCGCTAT GGGTATCCAA 420  
 AACAGCACAG CACTTAACCT CATCACTTTT TTAGCGTGTG GTGACATAAA ATTATAATCC 480  
 CTCATCATTT TCACCTCTTA AATACCATGA TTTCAATTTA TTTGCATCTT CACTTCTTGC 540  
 20 GTATTTTAAG TTAATCGATT GGGCTCCAC ACCTTTAGCA ACAATAAAGC TAAATTTATT 600  
 TAAATTGTTG CGTTTAAGTA ATGTATGTTG CCAAGTGTC AATCCTATAA TGTGATGCGC 660  
 TTTAAAATAA TAAATATTTT GTTTCAATAG CTCGAAATTC TGGATAGTAA TTTGTTCTTC 720  
 25 TGTCATTTTA AAACCCGCAT GTTTGACATA AAGATATCCT TTGATCACAA ATAAACCAAT 780  
 AATGACTATT GTTATAATCG TAAATAACAA TAATAATTGA TTCCAAAAAT AACAGCCTAT 840  
 ACCTGCCATA GCTATGACAA TAATACTAGG TATTAAAAAG TGTCTGTGGA AACCTGACAA 900  
 30 AGGCATACCT TCATTAACCT GTTGATAAGA TAAATCTGGT ACTAAATTCT GGATAATTG 960  
 ATATGCTTTG TCTCGTTTAA TAAACGGCaA TATCGGCACA CTACCTGAAT CATTGTC 1017

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 472:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 6806 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 472:

45 TAGGATTGAT TAATCCTTTC TTCAAATGA TGAATGTGTA ATGTTAAATA TATAATTTCA 60  
 GACTCACTGA TATTAACATC AAATTGTTTT TGTATCATAG TTAAAATTTT ATATGCTGTG 120  
 50 TTATAGCAAA TCGGATAGTG ATTTTAAATC ATAGACACAA AATCATCTTG TGCATGTATA 180  
 TATTCTTTTC TTCTTAATCG GCGAATTAAA AATTGTACGT GCCTTATAAA ACGTTGGTAT 240

	ATTATGAACT GAATGAAGCT AGGTACATCA CCTTTACAGT TTATAGAACT ACTCATAATA	8340
	GTTTTGTTTT TGATTTATTG ATTTGTGAAA ACTTCATAAT TTATCATGGT GAAAAATACA	8400
5	CAATTAAGCA GACAGCGCCA AAGGTTGAAG GTGATAAAGT TTTTATTGAA GTTACGGCAT	8460
	ATCACATAAT GTATGAATTT CAAAATCACT CAGTGGGAATC AAATAAGCTT GATGACGACA	8520
10	GTAGCGAAAC TGGTAAAACG CCAGAATACT CTTTAGATGA GTACTTAAGA TATGGATTTG	8580
	CAAATCAAAA AACGTCAGTC AAGATGACCT ATAAAATAAT TGGAGATTTT AAAAGAAAAA	8640
	TACCAATTGA TGAATTAGGT AATAAAAAATG GCTTAGAATA TTGTAAAGAA GCAGTAGATT	8700
15	TGTTTGGTTG TATTATTTAT CCAAATGATA CGGAGATATG TTTTATTCTT CCTGAAACAT	8760
	TCTATCAAAG AAGCGAAAAA GTAATAAGGT ATCAATATAA TACTGATACT GTGTCTGCTA	8820
	CTGTCAGTAC GTTGGGAATTA AGAACAGCTA TAAAAGTTTT TGGGAAAAAG TACACAGCCG	8880
20	AGGAAAAGAA AAATTATAAT CCTATTAGAA CAACTGACAT TAAATATTCA AATGGTTTTA	8940
	TAAAGAAGG TACTTATCGT ACCGCAACAA TTGGGTCTAA AGCTACTATT AACTTTGATT	9000
	GCAAGTATGG TAATGAAACA GTTAGATTTA CAATAAAaAA GGGCTCTCaA GGTGGAATAT	9060
25	ATAAGTTGAT TTTAGACGGC AAGCaAATTA AGCaAATTTT TGTTTTGCT AAGTCGGTTC	9120
	AGTCTGAmAC AATAGATTTA ATAAaAAAATA TTGATAAAGG CAAGCACGTT TTAGAAATGA	9180
	TATTTTTTrGG AGArGrCCCC AAAAATAGAA TTGATATATC TTCAAATAAA AAAGCTAAGC	9240
30	CTTGATATGTA TGTGGAAC T GAAAAATCAA CAGTCTTAAA TTTAATTGCT GACAACTCAG	9300
	GTCGCAATCA ATACAAAGCA ATTGTTGaCT ACGTCGCAGA TAGTGCAAAG CAGTTTGGGA	9360
35	TTGATATGTC TAATACGCAA ACAAATGAAG ATATCGAAAC ACAGGATAAG CTGTTAGAAT	9420
	TTGCAAAAAA GCAAATAAAT GATACTCCTA AGACTGAATT AGATGTTAAT TATATAGGTT	9480
	ATGAAAAAAT AGAGCCAAGA GATAGCGTAT TCTTTGTTCA TGAATTAATG GGATATAACA	9540
40	CTGAATTAAA GGTGTTTAAA CTTGATAGGT CACATCCATT TGTAACGCA ATAGATGAAG	9600
	TGTCTTTCAG CAATGAAATA AAGGATATGG TACAAATTCA ACAAGCGCTT AACAGACGAG	9660
	TTATTGCACA AGATAATAGA TATAACTATC AAGCAAATCG TATAAATCAT TTATACACTA	9720
45	GTACTTTGAA TTCTCCTTTC GAGACAATGG ATATAGGGAG TGTATTAATA TAATGGCAAC	9780
	AGAAGAAGTT AAAATCAAAG CGCTACTTGA AAACGATAAA C	9821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 471:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1017 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

	ATCAGGTGCT ACAGGTAATT TCGTTAGAGG AGCACACTTA CATTTCCAAT TGATGCAAGG	6540
	GTCGCATCCA GGAATGATA CAGCTAAAGA TCCAGAAAAA TGGTTGAAGT CACTTAAAGG	6600
5	TAGTGGCGTT CGAAGTGGTT CAGGTGTTAA TAAGGCTGCA TCTGCTTGGG CAGGCGATAT	6660
	ACGTCGTGCA GCAAAACGAA TGGGTGTTAA TGTTACTTCG GCTGACGTAG GAAATATCAT	6720
	TAGCTTGATT CAACACGAAT CAGGAGGAAA TGCAGGTATA ACTCAATCTA GTTCGCTTAG	6780
10	AGACATCAAC GTTTTACAGG GCAATCCAGC AAAAGGATTG CTTCAATATA TCCCACAAAC	6840
	ATTTAGACAT TATGCTGTTA GAGGTCACAA CAATATATAT AGTGGTTACG ATCAGTTATT	6900
	AGCGTTCTTT AACAAACAGAT ATTGGCGCTC ACAGTTTAAAC CCAAGAGGTG GTTGGTCTCC	6960
15	AAGTGGTCCA AGAAGATATG CGAATGGTGG TTGATTACA AAGCATCAAC TTGCTGAAGT	7020
	GGGTGAAGGA GATAAACAGG AGATGGTTAT CCCTTTAACT AGACGTAAAC GAGCAATTCA	7080
20	ATTAAGTAA CAGGTTATGC GCATCATCGG TATGGATGGC AAGCCAAATA ACATCACTGT	7140
	AAATAATGAT ACTTCTACAG TTGAAAAATT GTTGAAACAA ATTGTTATGT TAAGTGATAA	7200
	AGGAAATAAA TTAACAGATG CGTTGATTCA AACTGTTTCT TCTCAGGATA ATAAGTTAGG	7260
25	TTCTAATGAT GCAATTAGAG GTTTAGAAAA AATATTGTCA AAACAAAGTG GGCATAGAGC	7320
	AAATGCAAAT AATTATATGG GAGGTTTGAC TAATTAATGC AATCTTTTGT AAAAATCATA	7380
	GATGGTTACA AGGAAGAAGT AATAACAGAT TTTAATCAGC TTATATTTTT AGATGCAAGG	7440
30	GCTGAAAGTC CAAACACCAA TGATAACAGT GTAACATTA ACGGAGTAGA TGGTATTTTA	7500
	CCGGGCGCAA TTAGTTTTGC GCCTTTTTCA TTAGTATTAA GGTTTGGCTA TGATGGTATA	7560
	GATGTTATAG ATTTAAATTT ATTTGAGCAT TGGTTTAGAT CTGTGTTTAA TCGCAGACAT	7620
35	CCTTATTATG TTATTACTTC TCAAATGCCT GGTGTTAAAT ATGCAGTGAA TACAGCTAAT	7680
	GTTACATCTA ATTTAAAAGA TGGTTCTTCA ACTGAAATTG AAGTAAGTTT AAATGTTTAT	7740
40	AAAGGGTATT CTGAATCAGT TAATTGGACC GATAGCGAGT TCTTATTCGA CTCTAATTGG	7800
	ATGTTTGAAA ATGGAATTCC TCTTGATTTC ACACCTAAAT ATACTCATAC ATCAAATCAA	7860
	TTTACTATTT GGAACGGTTC TACTGATACG ATAAATCCAC GATTCAAGCA CGATTTGAAA	7920
45	ATATTAAATTA ATTTAAATGC GAGTGGAGGA TTGAACTGG TTAATTATAC AACAGGTGAT	7980
	ATTTTTAAGT ACAACAAAAG TATAGATAAA AACACTGATT TTGTTTTAGA TGGTGTGTAT	8040
	GCATATCGAG ATATAAACAG AGTGGGAATT GATACAAATA GAGGCATTAT AACATTAGCG	8100
50	CCAGGTAAAA ATGAATTTAA GATTaAGGA GACGTCAGTG ATATTAAAAC TACATTTAAG	8160
	TTTCCTTTTA TTTATAGGTA GGTGATTAA TGGATTATCA TGATCATTTA TCAGTAATGG	8220

55

	GTGGTGGTC TAACTTTAGA GAAGACCAAA AGAAGAAAAG TGATAAATAC GCTAAAGAAC	4740
	AAGAAGAAAC AGCTCGTAGA AACAGAGAAA ATATAAGAA ATGGTTTGGG AATGCTTGGG	4800
5	ACGGCGTAAA AACTAAACT GGTGAAGCCT TTAGTAAAT GGCAGAAAT GCTAATCATT	4860
	TTGGCGGCGA AATGAAAAA ATGTGGAGTG GAATCAAAGG AATTCCAAGC AAATTAAGTT	4920
	CAAGTTGGAG CTCAGCCAAA AGTTCTGTAG GATATCACAC TAAGGCTATA GCTAATAGTA	4980
10	CTGGTAAATG GTTTGGAAAA GCTTGGCAAT CTGTTAAATC GACTACAGGA AGTATTTACA	5040
	ATCAAATAA GCAAAAGTAT TCAGATGCCT CAGATAAAGC TTGGGCGCAT TCAAAATCTA	5100
	TTTGGAGAGG CACATCAAAA TGGTTTAGCA ACGCATATAA AAGTGCAAAG GGTGGCTAA	5160
15	TAGATATGGC TAATAAATCG CGCTCGAAAT GGGATAATAT TTCTAGTACA GCATGGTCGA	5220
	ATGCAAAATC CGTTTGAAA GGAACATCGA AATGGTTTAG TAACTCATAC AAATCTTTAA	5280
20	AAGGTTGGAC TGGGGATATG TATTCAAGAG CCCACGATCG TTTTGATGCA ATTTCAAGTT	5340
	CGGCATGGTC TAACGCTAAA TCAGTATTTA ATGGTTTTAG AAAATGGCTA TCAAAAACAT	5400
	ATGATTGGAT TAGAGATATT GGTAAAGACA TGGGAAGAGC TGCGGCTGAT TTAGGTAAAA	5460
25	ATGTTGCTAA TAAAGCTATT GCGGTTTGA ATAGCATGAT TGGCGGTATT AATAAAATAT	5520
	CTAAAGCCAT TACTGATAAA AATCTCATCA AGCCAATACC TACATTGTCT ACTGGTACTT	5580
	TAGCAGGAAA GGGTGTAGCT ACCGATAATT CAGGAGCATT AACGCAACCG ACATTTGCTG	5640
30	TATTAAATGA TAGAGGTTCT GGAAACGCCC CAGGTGGTGG AGTTCAAGAA ATAATTCACA	5700
	GGGCTGACGG AACATTCCAT GCACCCCAAG GACGAGATGT GGTGTTCCA CTAGGAGTTG	5760
	GAGATAGTGT AATAAATGCC AATGACACTC TGAAGTTACA GCGGATGGGT GTTTTGCCAA	5820
35	AATTCCATGG TGGTACGAAA AAGAAAAAAT GGATGGAACA AGTTACTGAA AATCTTGGTA	5880
	AAAAAGCAGG GGAATTCGGT TCTAAAGCTA AAAACACAGC TCATAATATC AAAAAAGGTG	5940
40	CAGAAGAAAT GGTGAAGCG GCAGGCGATA AAATCAAAGA TGGTGCATCT TGGTTAGGCG	6000
	ATAAAATCGG CGATGTGTGG GATTATGTAC AACATCCAGG GAACTAGTA AATAAAGTAA	6060
	TGTCAGGTTT AAATATTAAT TTTGGAGGCG GACTAACGCT ACAGTAAAAA TTGCTAAAGG	6120
45	CGCGTACTCA TTGCTCAAAA AGAAATTAGT AGACAAAGTA AAATCGTGGT TTGAAGATTT	6180
	TGGTGGCGGA GGCGATGGAA GCTATCTATT TGACCATCCA ATTTGGCAAA GGTTTGGGAG	6240
	TTACACAGGT GGAATTAAT TTAATGGCGG TCGTCACTAT GGTATCGACT TTGGTATGCC	6300
50	TACAGGAACG AACATTTATG CTGTTAAAGG CGGTATAGCT GATAAAGTAT GGAATGATTA	6360
	CGGTGGCGGT AATTCTATAC AAATTAAGAC CGGTGCTAAC GAATGGAACT GGTATATGCA	6420

55

	CAGATAAAAT TAATAGCTAT AGCAAATCAT TGAAGAACTC TAATGGTGAA AGTAAAAAAG	2940
	CAGCTGATTT GATGAAAGAT AACCTCAAAG GTGCTCTGGA ACAATTAGGT GCGCTTTTG	3000
5	AATCGTTAGC AATTGAAGTT GGTAAAGATT TAACGCCTAT GATTAGAGCA GGTGCGGAAG	3060
	GATTAACAAA ATTAGTTGAT GGATTTACAC ATCTTCCTGG TTGGGTTAGA AAGGCTTCGG	3120
	TAGGCTTAGC AATTTTTGGT GCATCTATTG GTCCTGCTGT TCTTGCTGGT GGCTTATTAA	3180
10	TACGTGCAGT TGGGAGCGCG GCTAAAGGCT ATGCATCATT AAATAGACGC ATTGCTGAAA	3240
	ATACAATTCT TTCTAATACC AATTCAAAAG CAATGAAATC TTTAGGTCTT CAAACATTAT	3300
	TTCTTGGTTC TACAACAGGA AAAACGTCAA AAGGCTTTAA AGGATTAGCC GGAGCTATGT	3360
15	TGTTTTAATT AAAACCTATA AATGTTTTGA AAAATTCTGC AAAGCTAGCA ATTTTACCGT	3420
	TCAAACTTTT GAAAAACGGT TTAGGATTAG CCGCAAAATC CTTATTTGCA GTAAGTGAG	3480
20	GCGCAAGATT TGCTGGTGTA GCCTTAAAGT TTTTAACAGG ACCTATAGGT GCTACAATAA	3540
	CTGCTATTAC AATTGCATAT AAAGTTTTTA AAACCGCATA TGATCGTGTG GAATGGTTCA	3600
	GAAACGGTAT TAACGGTTTA GGAGAACTA TAAAGTTTTT TGGTGGCAAA ATTATTGGCG	3660
25	GTGCTGTTAG GAAGCTAGGA GAGTTTAAAA ATTATCTTGG AAGTATAGGC AAAAGCTTCA	3720
	AAGAAAAGTT TTCAAAGGAT ATGAAAGATG GTTATAAATC TTTGAGTGAC GATGACCTTC	3780
	TGAAAGTAGG AGTCAACAAG TTTAAAGGAT TTATGCAAAC CATGGGCACA GCTTCTAAAA	3840
30	AAGCATCTGA TACTGTAAAA GTGTTGGGGA AAGGTGTTTC AAAAGAAACA GAAAAAGCTT	3900
	TAGAAAAATA CGTACACTAT TCTGAAGAGA ACAACAGAAT CATGGAAAAA GTACGTTTAA	3960
	ACTCGGGTCA AATAACAGAA GACAAAGCAA AAAAAGTTTT GAAAATTGAA GCGGATTTAT	4020
35	CTAATAACCT TATAGCTGAA ATAGAAAAAA GAAATAAAAA GGAAGTCAAG AAAACTCAAG	4080
	AACTTATTGA TAAGTATAGT GCATTTCGATG AACAAGAAAA GCAAAACATT TTAAGTAGAA	4140
	CTAAAGAAAA AAATGACTTG CGAATTAAAA AAGAGCAAGA ACTCAATCAG AAAATCAAAG	4200
40	AATTGAAAGA AAAAGCTTTA AGTGATGGTC AGATTTTCAGA AAATGAAAGA AAAGAAATTG	4260
	AAAAGCTTGA AAATCAAAGA CGTGACATCA CTGTTAAAGA ATTGAGTAAG ACTGAAAAAG	4320
45	AGCAAGAGCG TATTTTAGTA AGAATGCAAA GAAACAGAAA TGCTTATTCA ATAGACGAAG	4380
	CGAGCAAAGC AATTAAAGAA GCAGAAAAAG CAAGAAAAAGC AAGAAAAAAA GAAGTGATA	4440
	AGCAGTATGA AGATGATGTC ATTGCTATAA AAAATAACGT CAACCTTTCT AAGTCTGAAA	4500
50	AAGATAAATT GTTAGCTATT GCTGATCAAA GACATAAGGA TGAAGTAAGA AAGGCAAAAT	4560
	CTAAAAAAGA TGCTGTAGTA GACGTTGTGA AAAAGCAAAA TAAAGATATT GATAAAGAAA	4620

	AAGAAAAACA AAGTGAACAA AAAGTCATTA CAGGTACGGA TTTAAGAAAA CTTTTTGGAA	1140
	GCTAGAAAGG AGGTTAATAT GAATGAAAAA GTAGAAGGCA TGACCTTGGA GCTGAAATTA	1200
5	GACCATTTAG GTGTCCAAGA AGGCATGAAA GGTTTAAAGC GACAATTAGG TGTGTGTAAT	1260
	AGTGAAATGA AAGCTAATCT GTCAGCATTT GATAAGTCTG AAAAATCAAT GGAAAAATAT	1320
10	CAGGCGAGAA TTAAGGGGTT AAATGATAGG CTAAAGTTC AAAAAAGAT GTATTCTCAA	1380
	GTAGAAGATG AGCTTAAACA AGTTAACGCT AATTACCAA AAGCTAAATC CAGTGTAATA	1440
	GATGTTGAGA AAGCATATTT AAAGTTAGTA GAAGCCAATA AAAAAGAAAA ATTAGCTCTT	1500
15	GATAAATCTA AAGAAGCCTT AAAATCATCG AATACAGAAC TTA AAAAAGC TGAAAATCAA	1560
	TATAAACGTA CAAATCAACG TAAACAAGAT GCGTATCAAA AACTTAAACA GTTGAGAGAT	1620
	GCAGAACAAA AGCTTaaGAA TAGTAACCAA GCTACTACTG CACAACTAAA AAGAGCAAGT	1680
20	GACGCrtACA GAAGCAGTCC GCTAAGCATA AAGCACTTGT TGAACAATAT AAACAAGAAG	1740
	GCAATCAAGT TCAAAAACTA AAAGTGCAAA ATGACAATCT TTCAAAATCA AATGATAAAA	1800
	TTGAAAGTTC TTACGCTAAA ACTAATACTA AATTAAAGCA AACAGAAAAA GAATTTAATG	1860
25	ATTTAAACAA TACTATTAAG AATCATAGCG CTAATGTGCG AAAAGCTGAA ACAGCTGTTA	1920
	ATAAAGAAAA AGCTGCTTTA AATAATTTGG AGCGTTCAAT AGATAAAGCT TCATCCGAAA	1980
	TGAAGACTTT TAACAAAGAA CAAATGATAG CTCAAAGTCA TTTCCGTAAA CTTGCAAGTC	2040
30	AAGCGGATGT CATGTCAAAG AAATTTAGTT CTATTGGAGA CAAAATGACT TCCCTGGGAC	2100
	GTACAATGAC GATGGGCGTA TCTACACCGA TTACTTTAGG TTTAGGTGCA GCATTAAAAA	2160
35	CGAGTGCAGA CTTTGAAGGG CAAATGTCTC GAGTTGGAGC GATTGCACAA GCAAGCAGTA	2220
	AAGACTTAAA AAGCATGTCT AATCAAGCGG TTGACTTAGG AGCTAAAACA AGTAAAAGTG	2280
	CTAACGaAGT TGCTAAAGGT ATGGAAGAAT TGGCAGCTTT AGGCTTTAAT GCCAAACAAA	2340
40	CAATGGAGGC TATGCCAGGT GTTATCAGCG CagcAGaAGC AAGTGGTGCA GAAATGGCTA	2400
	CAACTGCAAC TGTAATGGCT TCAGCGATTA ACTCTTTCCG TTAAAAGCA TCTGATGCAA	2460
	ATCATGTTGC TGATTTACTT GCGAGATCAG CAAATGATAG TGCTGCAGAT ATTCAATATA	2520
45	TGGGAGATGC ATTAAAATAT GCAGGTACTC CAGCAAAAGC ATTAGGAGTT TCAATAGAGG	2580
	ACACTTCTGC AGCAATTGAA GTTTTATCTA ACTCAGGTTT AGAGGGGTCT CAAGCAGGTA	2640
	CTGCATTAAG AGCTTCGTTT ATTAGGCTAG CTAATCCAAG TAAAAGTACA GCTAAGGAAA	2700
50	TGAAAAAATT AGGTATTCAT TTGTCTGATG CTAAAGGTGA GTTTGTTGGA ATGGGCGAAT	2760
	TGATTAGACA GTTCCAAGAT AACATGAAAG GCATGACGAG AGAACAAAAA TTAGCAACAG	2820

55

TGTGCTATAC CATTAAACAAT GTAATACATT GGATTTAGCA TTAGGATGTG ATTGATAAAT 3900  
 ACATGATTTG GATTTGGTAT GAAAATAATT GGTAACAATA AGAAACACAA TACACAAACC 3960  
 5 CCATAAAATA TGATATTTAT TTTTTCAGWT AACAGTCGAA TAAGACCAAA AGTAACGGAT 4020  
 ATTAATCCTA CAAAAATAGT TGCCATCACA ATAAATAGA ATAGCGCTAT ATATGATGTT 4080  
 TCGAAGTTTA CTGGTTTAAC CAATGCACTA ATCATCGTCA AAATGACTAG CATAATAAAA 4140  
 10 CTTAAATAG ACATAATAAC TACTGGCGTC G 4171

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 470:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 9821 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 470:

TGGTTGAAGT AGCAGTTAAT TCAAAATCTG CAACAGTTTC AGCAGAAATaG GGGCTTTCAA 60  
 25 AATAAtCAAA GGAGAATAAT TTATGACTAA AACTTTAAAG GTTTATAAAG GAGACGACGT 120  
 CGTAGCTTCT GAACAAGGTG AAGGCAAAGT GTCAGTAACT TTATCTAATT TAGAAGCGGA 180  
 TACAACCTTAT CCAAAGGTA CTTACCAAGT GGCATGGGAA GAAAATGGTA AAGAATCTAG 240  
 30 TAAAGTTGAT GTACCTCAAT TCAAAACCAA TCCAATTCTA GTCTCAGGCG TATCATTTAC 300  
 ACCAGAAACT AAATCAATTA TGGTAAATAC CGATGACAAT GTTGAGCCAA ACATTGCACC 360  
 AAGCACAGCA ACGAATAAAA TATTGAAATA TACAAGTGAA CATCCAGAAT TTGTTACTGT 420  
 35 AGATGAAAAT ACAGGAGCAA TTCACGGTGT AGCTGAAGGT ACTTCAGTAA TCACTGCTAC 480  
 GTCTACTGAT GGAAGCGATA AGTCAGGACA AATTTTCAGTG ACAGTAACAA ACGGATAGGG 540  
 ATTTAAGGCG CAGTATATCT GCGTCTTTTT TATTTGAATA AAAGGAGCTA ATACAATGAT 600  
 40 TAAATTTGAA ATTAAAGATC GTAAAACAGG AAAACAGAG AGCTATACAA AAGAAGATGT 660  
 AACAAATGGGC GAACAGAAAA ATGCTATGAG TATTTAGAAT TAGTAAATCA AGAGAATAAA 720  
 AAAGAAGCAC CTAACGCAAC AAAAATGAGA CAAAAGAGC GACAGTTATT AGTAGATTTA 780  
 45 TTTAAAGATG AAGGATTGAC TGAAGAAGAT GTTCTGAACA AGATGAGTAC TAAAACCTTAT 840  
 ACAAAGCCT TACAAGATAT ATTTGAGAA ATCAATGGTG AAGATGAAGA AGATTCAGAA 900  
 50 ACTGAACCAG AAGAGATGGG AAAGACAGAA GAACAATCTC AATAAAAGAC ATTTTATCGA 960  
 ACATTAAGAA AATACAACGT TTCTGTATGG AGCAGTATGG GTGGACATTA ACTGAAGTCA 1020



	GCTTGaCTCA AAACCTCCAC AGTTGGAAAT CGTTCaACAA AACGATGATA ATAGTCAATA	2100
	ACTGTTTTAA CTGTGTCTG TTGTAACATG ACCTCACTTA ACCAAATATA GTACGGATTG	2160
5	GTGCTTTGTC GCCATGGCAT TTCTCTTGA TTTTCATCAA ACCAGTGTAT CAAATTTTCT	2220
	TTAAAACTAG ACTGCTGATA CATTATATAA ACCCTTTCCT CACCAAAATT AATTGTCTTT	2280
10	ACTCATAATG TTTTATTGT ACATTAAAAAT CATGGTTAGT ATGTAAGTTA ATTTAGTTAT	2340
	TTGCGAAATT GGATTATAAT AGTATATATA ATATTATGAA ATGAGTGAAC TGATATGGAC	2400
	ACTGCAACAC ATATCGCAAT TGGGGTGGGC CTTACAGCAC TTGCAACTCA AGATCCAGCA	2460
15	ATGGCTTCTA CGTTTGGTGC AACAGCTACA ACCCTTATCG TTGGTTCATT AATTCCTGAT	2520
	GGGGATACTG TTCTTAAATT AAAGGACAAT GCAACATATA TTTCGCATCA TAGAGGTATC	2580
	ACGCATTCCA TCCCTTTCAC AATACTATGG CCAATTTTAA TTACATTTTT AATATTCACG	2640
20	TTCTTTAGTG GAACCAACCC ATTTTCATGTA TGGATGTGGG CTCAGCTCGC AGTATTTTTA	2700
	CATGTCTTTG TAGATATATT CAATTCTTAT GGTACACAAG CGCTTAGACC TATCACAAC	2760
	AAATGGATTG AATTAAGTGT GATTAACACA TTTGACCCTA TTATTTTCAC AGTTCTTTGT	2820
25	ATTGGTATTG TATTATGGGT TATAGGCTTG CATCCATTG CAGTCTTCTT TCCTATAATC	2880
	GCTTTACTAA TCATTTATTA CATGATTCGT TTTAAATGA GAGCCGTAAT TAAGCAACAA	2940
	GCTTTAAAAG CAATTCAACA AGAGCATCAC CCTGTAAAG TATTTGTTGC GCCAACAATA	3000
30	AAATTTATGG AATGGCGTGT CGCGATACAA ACTGATGCAC ATGACTATGT TGGAAAAGCA	3060
	TATGGTAGGA ATGTGGTGT TAGTGATAAA GTGGAACGTC AAACATTATC AACAGACTCC	3120
	ATTTTATGGA AAGTCAAAGG TAATAAAGAT ATACGTACTT TTTAAACTT TTCATCAATC	3180
35	TATCGTTGGC AAACAACAAC GTTAGCAGAT GGTCTACTG AAATTCGTTT GATTGATTG	3240
	CGTTATTTAA AAAATGATCA TTATTCATTT GTGGCAATTG CACATGTAAC AAACGATAAT	3300
40	GTCATAGACC ACTCTTATAT TGGCTGGGTA TTTACAGAAG ATAAGTTACA ACGTAACTG	3360
	TATGCTAAAT AATTCAAGT TATTATTCAC TAAAGTTAAT CTATAAAAAA TGAACAACCG	3420
	GGCAGATGA AAATCAAAAC GATTTTACT CTGTCCGTT TTTAATGTA AAACATATGAA	3480
45	TGCTTTTACA AAATCTAAAA TTTATATTGT TGCTAACAAA CTACCTTTAA TGAATCGAAA	3540
	TATCAAAATC AGTATAGGAA AACAATATCT AGATGATATT CTAATTGTTT CTGATTCTCA	3600
	CAGATTAATT TACACAACAG GTCAGCTAAA CATCATGAAG AAGTATCCGC CTCGTCTGTA	3660
50	CTATCATTTG AAACATCCTG TTGATTATCa GTTTGTGTCA CTTTAGATGT TTTATTaTAA	3720
	ATTGCGTGTG TCGTATACCT TGCTAATACG AAATTTACTG CAGCTATTAA ACATAAGAAT	3780

55

TTATATTCTA TTCAATTTAA TCTATGGATA CTGTGTCCCC ACACGACAGC AAAAGTTATC 300  
 ATACTTCTTT ACATCACTAA GTCAATATAA ATGATTTAAT CAGTATTTAC ACTTTATTTG 360  
 5 CTTAATACTG TCTAATTTTT TTGTAACGTT CTTTCCAAAC TTTGATAAAA TCTGGCGCGA 420  
 ATGGGCCCTT CTTCTGTTCT ATCCATTGTT GAAGAATGTC CACGTTGCGT CTTAAAATAA 480  
 TATCAATATC ATGCGGATAA TTCATTTGAT TCATATGTTG CTCATATTCA TCTTCATCTA 540  
 10 ATAAATGATA CTTTCCGTTT GGATATACTT TAATATCTAA ATCATAGTCT ATATATTTTA 600  
 ATGCCTCTTC ATCACAAACA AATGGTGATG ACAAATTGCA ATAGTAATAA ATTCCATCTT 660  
 CTCTAAACAT GCAGATAACA TTaAACCAAT ATTCTGAGTG AAAGTaACA ATTGCCGGTT 720  
 15 CACGTGTTAT CCAAGTTCTT CCGTCACTTT CAGTCACTAA CGTATGATCA TTTCCACCAA 780  
 TGACAACATG ATCAGTACCC TTTAATATTG TTGTTTCAGA CCAAACGCGA TGAATCTTAC 840  
 CATCATGTTT ATAACCTCTGA ATTTTAATGT TTTCCCCTTC TTTAGGTATG GATTCTCTGA 900  
 20 CCATACTCCA CACCACCTTC TGTTAATTTA ACCATTATAA ATTATAGCAT ATTTCAGAAA 960  
 TAGTATTATA TAAATACATA TTTTACGAA ATAAGATTTT ACTACTTAAT AATTAACTC 1020  
 25 GGTAATATTG CTAAGTACTA CAACAGAGAT TTACATGTCC CATTTAAAGT ATATAAAATC 1080  
 ATCACTTTTA TATATCAACA CTTTAACTTT TTGACATTGT TATTCTATGA GATTTAAAGA 1140  
 TATCATTTAT ACTTTTTAAA ATTAATGTCA CTATGTTTTT CGATAATATT ACCAATCATC 1200  
 30 GAATGTTACC CATTTATAAA TTGATAAATs TTTGACATAG GTACAGGGAA TGTATATTGA 1260  
 TCTCGATCAC TTAAATCAAA CCAATCATG TCATCTGGTA ATGTTTCAAT GTTAATTGCT 1320  
 CCTGAAACGG CGTATACTTT AATCTTCCAT GTTAAATGAG TAAATTGATG CTTCAACTCA 1380  
 35 AAAATAGGTG TTTCTACTGG TTGAATGTCA TGACCGATTT TTTAGTCAT TTTACGTCTA 1440  
 GCATGCTCAC TTTCAAACAT AGGAAATTGC CACATACCAT GCAATAATTT TTCGCTACGC 1500  
 TTTTGCAACA GATATTGACC TTGATTATTT CTAATTAAAA AGACGGATTG CTCAATTACT 1560  
 40 TTTTACTTA CATTTTTAGA TTTAACAGGT AACTTTTCAA ATGTACCTTT ATCAAATGCC 1620  
 TCACAGTTTT CTTGAACTGG ACAAATAAG CATAATGGAT TTTTGGTGT ACAAATTAAC 1680  
 GCCCCTAATT CCATCATAGC TTGATTAAAC GTTCCAGCTT CTGTAGTAAC ATACGGTAAT 1740  
 45 AATCTTGTT CGTACGATTT CCTCGTCGAT TGTAATTTAA TATCTCGATA GTCATCATTC 1800  
 AATCTAGACC ATACTCGAAA AACATTTCCG TCTACAGTTG CTAGTGGTAC ATTATATGCA 1860  
 50 ATGCTCATTA CTGCAGCTTG TGTGTATGGG CCAACACCTT TTAACGCTTT AAATTGATCA 1920  
 GGATCTTTGG GAACCTAAGCC TTCATATTTA TCATGAACCT CTTTAATCGC CGTATGAAAA 1980

AGGTACAGCG TTAAAACTAA GAGAAGCCAT CAATTATGAT GAAATGGTTA TTGTAGATAG 240  
 TATGACGTAG TTCCTAATTA TGCKAAAAGG GATTGATGAA AACTGAAGG GCTTTTCATC 300  
 5 AATCCCTTTT ATTTTAGGGG AATTGAATAG ATAGTTTAA ACTATACGAA TTATTAATAT 360  
 TTGAGATTTA ATTGAAATAA GTTTTAAAAA TTGGAGGAGA TAGATTAAGC GAAGTCATTT 420  
 AAAGGTGAAG TTAAGTGTAT TCACAAAAAa TAGCCACACT CATATGACAT CGGATGAGTG 480  
 10 TGGCTTAAGG ATCTATGGGG GGAGGAAnCC ATAGATGTTT ACTTTGATAG GCCAGATTAA 540  
 ATATCAAAGT ATGCGATTAT TTATAGCTTG ATGCAAAAGT GGTATGCCTA TTAAAAGTTA 600  
 CTGCACATAG CTTTTAATAT TCCGTTCAAA GGAAAGGGGC ATACAATTGA ACAATCTGTA 660  
 15 ATAGTACTTT TAACCAGCTA TGCTAAAAGT CTAGTAGGGA GAACAGTTGT CCAATCACAT 720  
 AAGAACCTCT AACTTCGTTA GTACGATTAA GAAAAGCTTT TTAGTTAGTA TGTAAATACAA 780  
 20 TTTATTGACG CGCGTGAATC TCTTTTATAA GAGTGTGTAG GGAATGGCGT TGTATAAATT 840  
 GTATTAGAAG AACTTCTAAC GCATCTCTGT GGTAAAAGA GATGAAGGGA ACGACAGTTT 900  
 aATTAAAAC GCATAAGAAC TTCTAGCTTT TCTCTCTCGT TCAAAGAGAA GCAGcTGTTc 960  
 25 GCAGTTTAAT CAAAACCACA TAAAGCTTTT AACTTTACTC TTTGATTTAA AGAGTGATAA 1020  
 ATGTTTACAG TTTAATTAAA ACTGCATAAG AACTTCTAGC TTTTCTCTTT CGTTCAaGAG 1080  
 AAGCAGCTGT TCGCagTTTA ATCAAAACCA CATAAAGCTT TTAACTTTAC TCTTTGATT 1140  
 30 AAAGAGTGAC AAATGTTTAC AGTTTAATTA AACTGCATA AGAACTTCTA GCTTTTCTCT 1200  
 TTCGTTCAAA GAGAAGTTCT AATACCACCA TATCGTGCGA TCGGGAACGG TATATATATT 1260  
 AATAGGAGGG TAATATATAT TTAACGCACG ATATGGGACT ATTAGCCTTC GACTTTGTTA 1320  
 35 TGTGATGTG TGGCCTAAAA TATTGGAGAT ACCAATATTT TAGGTTGCAT CAACATCA 1378

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 469:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4171 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 469:

TCCCAACCAA TAATCGTGGC AAAAATACGG ATATTGGTAT GGCTTAACAA ATTGCAAATA 60  
 50 TCGTTTAATC ATACATCCCC CCTAATCTAT TGCCCTATCC TATTCaTAAG CATAAAAATG 120  
 AATAGAGGTT GGATACATAA TTTGTAGATG TAAATCTTC TTACAATTTA CATTTTAAAA 180

ATTTTAGTTT TGAACATATA CTTATGAATA TGCTTTCATT ATTTATTTT GGTAAAATAG 600  
 TCGAAGCAAT TATTGGTTCA TGGCGGATGT TAACTGTATA CTTTATTGCA GGGTTGTTTG 660  
 5 GAAACTTTGT ATCACTATCA TTTAATACGA CTACAATTC AGTTGGGGCT AGTGGTGCTA 720  
 TATTGGTCT GATTGGATCA ATTTTTCGA TGATGTATGT TTCAAAAACA TTTAACAAAA 780  
 AAATGTTAGG ACAGTTATTA ATTGCATTAG TGATATTAGT TGGTGTCTCT CTGTTTATGT 840  
 10 CAAATATAAA TATTGTGGCG CATATTGGAG GATTCATTGG TGGTTTATTA ATAACCTTAA 900  
 TTGGCTATTA CTATAAAGTG AATCGtAATA TTTTGTGGaT TTaCtAATTG GTATGcTtGt 960  
 tATATTTAwT GCACyTcMAA TTagAtTTTT ACmATTAAAG AAGATAATAw TTATAA 1016

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 467:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 406 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 467:

AACTTTAAAT TTAGACATCT TAAAACCTC TCTAAACCA TGCCTATATC TCAAGATGAT 60  
 ATTTCAAATG AACAACTA TGTCTGAGA CCATTAATGA ATGATCATAA ATATTTCTTT 120  
 30 CTATAAAATT AGCTTTCCAA TAACTGTGTT GTTGCAAT ATCATTCAACA AGTACACCAT 180  
 TTTCCGAAGT ATGATTATCT TTATCTATAC TAAAACAAT TTGTTTAGTT TTAGCATGGC 240  
 TAAATTGTTG AAGACCCTTA CACGATAAAC GTATAGCGTC TGAATTCTCA TTTACAATG 300  
 35 CGGCTGGgCA AACAAATGAC ACATTGTACT TCATGTTTGA ACtTCGTTAC AATCaTCGTG 360  
 kCatTTTGat AAATAACAAT CCCTCGTAAT kGATTAAGTA TATTAT 406

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 468:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1378 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 468:

AGATAATACA CTTGAAGTTG GAATGGTTTG TGACGGTTAT TTAATGCGAA TTGAAAACCTT 60  
 AACACCATCA AATTTCTTCA ACTCAGCAAG TGAAGATACG ATTACTAAAA TTAAATTAAA 120

TATTCGATTT GAnTCTTTTA AAATTATGTT TAAAAACATG TCTAATGATT CCGCATCATT 120  
 TTTTGCACCA TCAATAAGCG TTTCAGcAAA CCCCTTAATT GAAGTAATAG GTGTTTTTAA 180  
 5 TTCATGTGAA ACATTGCTA CAAATTCACG TCTTAGATTT TCAAGTTGTT TCAGATTTGT 240  
 TATATCATGC ATCACAaCTA AAATCCctTG CAAACTTTTT TGAGACCTAG TTAAAATCGG 300  
 AACGCATGAA ATATCAAAGT ACTTGGCATG GACTTGGTTT ATTGCAACTT CCAATTGTTC 360  
 10 ATAAATAGGT TTTTCAACTT TAAAACTTTC TAAAATTAAT TGCTCAATTT CAGTATTAAC 420  
 ATAGCCGTGA TAGCCTACTT GTTCAATATT ATGCGAGATG TTGAACTGTT CATAATACGC 480  
 TTTATTTGCA ACAACGATTT TTCCATTTTG ATCTATCATT AAAATAGCAC TTGGAATATT 540  
 15 TTCAATCGTT GTTTTTAAAC GGTGATTG AATTTTTTGC TCATTATTAA GCTTTTGAAG 600  
 GCGTCGTGCT AAATCATTGG TAGACACAAA AAGCGCTTTA GTTCTACAA CATTACTTTC 660  
 20 AGGTACACGT ATGTGATAAT AACCATTTCG CAACAATTGT GTTGCATAAG TAACTTCTTG 720  
 AATGGGACGG ATTAATGTAC GCTTAAAACT ACGGCTTGCA AAATACAGAC AAATGAGTAC 780  
 AACTAAACAT GTCAAAATAA GATATTTCCA CAACGTCCAA TGCATTTCTG TAATATCGTT 840  
 25 ATTGTAACCT TTAATCCATA CATGATAACC GTTAACCTTC TTATtAAAAA TAAAAACGTC 900  
 CCTTT 905

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 466:

- 30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1016 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 466:

40 TTTGGTTAGC CCATAAAAGA AAAAAACAAG TAGTCATTTT TAAACAACAT ATCAAGTCTA 60  
 CCCAAGAAAT ACGTTTTGAC AAAGCGAAAG TGCTTGAACA CAAAGATGAA ATAGCAAATT 120  
 TTATTTCTTT CGAACCACAA AGTTTTGAAT TTTATTATTT TACAGAATCG GAATTTTCAG 180  
 45 AAGAACAATT AAATGAAGTT TCGCCAATTA GAATTAAATT CAATGTTATA AGACACACAA 240  
 AAGATTTGat AAAGCATATG CCGAATATAT TTTTGGcTAG ACTTATTTCA GAAGATAATG 300  
 ATAAAAAGAC ATATATGTTT TATAAACGCA AAGTATTAAC CGATAACTTT TTAGATAAAT 360  
 50 ATATGCAGAA ATTTTCACCG GCAACATACA CAATAATATT TGTAATGTC TTAATATGGT 420  
 TATGTATGAT TTTATATTTA AATAATTTTT CGGATGTAAA ATTATTAGAT GTTGGCGGGT 480

ATTTAACACA CATAATGAAT CATTGATAA ATCATTATC GCTTCTAGCA CATCGTAATA 2100  
 TGCAGTGTCA TTATTTTTTT GTATTGTGAG ACAATCATCC AGTTCTTCTA TTACATAACT 2160  
 5 TCTATATTCA TCATAAATTT TCATAATAAA TGCCTTCATT TCATTATAT TTTTGGTCAT 2220  
 ATTACTKTAT ATCTATTACT AAtkCATTCC CGTATTTATT AATTACAATC ATAGTTTGGC 2280  
 TyCTTTTTTAA AAGATAAGAC TTTGTAAAAA GTATTAATAT TTCATGCAA TGGGGGACAG 2340  
 10 GAGTCGCCCA CTATTTTTGT GTCTTCAATT TCATGATCAT TATTTAACAT TAGTCATGAA 2400  
 AATAGCCGAC 2410

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 464:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 590 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 464:

25 TTTATTAATT GTAAAAAATT GAGTAAATTA TCTTTACATT CTAAATTAGT CTAACTACA 60  
 ACTAGTATCC TAATAATTAT AGGAGCTATT ACATTCTTTT TATTAGAACA GTTTAATACT 120  
 ATGCAACATA TGGGACTAGT TGAAAAAATC GGAAATTCTT TTTTCCAATC AGTAACAACA 180  
 30 CGAACAGCGG GTTTTAACAG TATAGATATA GCAAGCATT rCAAATCTAC CGCATtAaTG 240  
 TTAATGCTAC TTATGTTTAT TGGTGGTGCC CCTCTCAGTG CAGCTGGAGG AATTAAAATA 300  
 ACTACTTTTG CAGTTGCGTT TATTTTGTGA CTAAATTATA KACGTAAAGA AAATAATGTT 360  
 35 TCAGTATTCA ATAAAGAAAT ATCTGACAAA CATATAAAC TATCTATTGT TACCATTAAAT 420  
 ATCTCATTTC TATTTATCAG CATCATTACT TTTATATTAT CGATAATTAA TCCGAACATA 480  
 TCATTAATCA AGTTATTATT CGAAGTGGTT TCTGCATTTC GAACAGTAGG GTTAAGTATG 540  
 40 AACCTTACCA CAGAATATCA TGGTATTACT AAAATAATTA TTATATTCGT 590

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 465:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 905 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 50 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 465:

	GCATCTTCAA CTTCAAAGG CCCAATCGTA TAGCCTGAAC TAATAATAAT GTCATCTCGA	300
	CGTCCTTCAA ACCAGAAATA ACCATCATCA TCTACATGAG CTAAGTCACC AGTGATGTAG	360
5	TATTtACCTG TTTGCGCTTT CGCCGTACGT tCTGGCTCTT tATAATACCC TTTGAAAAGT	420
	GCTGGCAAAT CAAGTGGTAC TGCAATATTC CCTTTCGTAT TAGCAGGTAC GCTATTCCCC	480
10	TCATCATCTA CTACAGTGAC CGAACTACCC GGAATGCCTT TACCCATTGA TCCAATCCTC	540
	TGTGGTGTAT CTTTTAAAA GCCTATAAGC AAGGTACTTT CAGTCTGGCC ATATCCATCT	600
	CTTACAGTTA AATTAAAGTA TTTCTTGAAT TGTTCAACTA CTTCTCGATT TAGTGGCTCA	660
15	CCTGCAGAAA CGGCACTATG TAAATGCGTT AAGTCATAAT CATTTAAGTT CTGTAATTTA	720
	GCCATCATAC GATATTCTGT CGGTGTACAA CATAAAACAT TAATTTGATA TTTTGAAGC	780
	AATTCTAAGT ATGTTTCAGG ACTGAACCTT CCATTAAATA CAAAAGCAGT TGCACCTGAA	840
20	CCTAATACAG ATAAGAAAGG ACTCCATACC CATTTTTGCC AACCTGGTgc TGCTGTTGCC	900
	CAAATAAGT CATCTTCATT aATACATaAC CAATGTTTTG GTGCCATTtG TaAATGTGcA	960
	AATCCCCaTC CATGACAATG TGTAACGGCT TTAGGATTGC CAGTTGTACC AGATGTATAT	1020
25	GACAGAATCG CCATATCATC ACGCGTCGTA TCTGCCATTT CTAGTTTGTT ACTTGCGTTT	1080
	TCTTTTTTCAG CTTCAAGTGA AATCCATCCA TCTTTTTGAC CGGCAATAAC AAATTTAGTT	1140
	AACGCATCAT ATTCTTTAAT TTTTTCAAAT TCAACTGTGA ATGGCTCTAG TGCAATAACT	1200
30	GCATTAATTT CACCATGTGT GATACGGTAT TGTAATCTT TAGTTCTTAG CATTTcAGAA	1260
	CATGGAATGA TTGCAACACC TAATTTTAAA GCAGCAATAT ATAATTCATA CGTCGCAATA	1320
35	GATCGTGGCA TCATAATGAG TACTTTATCG CCTTTAGATA AACCGTGCGA TGCTAAAACA	1380
	TTACCTACTT TATTAGACTG TTCAATGAGC TGTTGGTAAG TGA CTGATAT ATCTTCGCCT	1440
	TCAGTATTAT GATATAAAAT TGCCTTTTTTA TCTGGTATGT GGCTATATTT TTCGATTTCC	1500
40	GAAATAATGT TATATTTTTT AGGCGCGAAT AGAGCTGACT TTTGCATAAC TAACTTCCTT	1560
	TCATACATCC ACTTTTCCTG TGATGAACAT TGTAATTTTA TAAATGAATT ATATACATCA	1620
	TACGCCTATC TTTACAGAAT TTTCAATTAA ATAGGGTTAA ATACCAAAGT CCTCGACACT	1680
45	ACACTTTGAC ATGACGTAGC ATTCAAGGAC TTTCAAATGA TTGAGGGTTG ATATCTCGGG	1740
	CTAGACCATA TCAGCTAATT CAATACGAAT ATTGTATGAT AATTCACGAT TAATTATTTT	1800
	TACATCTGCA CCTTTCGAAG TGCCACGATG CTTGTGTGTA TGCTTGTA CT CAGCTGAATT	1860
50	TTGCCAATGA TAAAATGCTT GCCTATTTTC CCACAGCGTA ATAATGATAT AGTGTCTACC	1920
	AGCTGTTCTA GGTCTTAAAA ACCTTAATGC TTAAATCCA TCAACGTTTT TTAATGCTT	1980

55

AGnTCAATAT TTAGATCAAG CCGTTTTAAG TAATTACGAA CAAGTTTATA TCATTTCATGG 120  
 TAAAGGTACA GGTGCACCTC AAAAAGGTGT ACAACAACAT TTGAAAAAGC ATAAAAGTGT 180  
 5 TAGTGACTTT AGAGGTGGTA TGCCAAGCGA AGGTGGATTT GGC GTTACCG TTGCAACACT 240  
 AAAATAAAATT ATAATTTGAT AAATTAAATA GCTGCAGTTA AAATAATGTA AAGCAACAAG 300  
 AATACATTTT AACATGTTA TTTGAAATAA GCATAAAAAT TGAGCAAATA GAAATACATG 360  
 10 AAGCATGTTA TCTGATATAA TTTGAACATC ATAATAATAA TTAAGGAGGA TTGGCATTTA 420  
 TGGCAATCGT AAAAGTAACA GATGCAGATT TTGATTCAA AGTAGAATCT GGTGTACAAC 480  
 TAGTAGATTT TTGGGCAACA TGGTGTGGTC CATGTAAAAT GATCGCTCCG GTATTAGAAG 540  
 15 AATTAGCAGC TGA CTATGAA GGTAAAGCTG ACATTTTAAA ATTAGATGTT GATGAAAATC 600  
 CATCAACTGC AGCTAAATAT GAAGTGATGA GTATTCCAAC ATTAATCGTC TTAAAGACG 660  
 GTCAACCAGT TGATAAAGTT GTTGGTTTCC AACCAAAAGA AAAGTTAGCT GAAGTTTTAG 720  
 20 ATAAACATTT ATAAGTTACA ACCAATGACG ACTGGGGCAT TTCTTTAATG AATTGCTCCA 780  
 GTTTTTGTTT GTGTTTTTAA TATAAAAAGT TGAATGATAA GTCATCATAT TGTTTACGAC 840  
 25 TTGAGAATGG TGGGATTAAT AAATCTATGA ACGTTAAATG ATAATCTAGC ATGCTGATAG 900  
 ATTTGTAGCA GTTGGTTTGA TAAAACCATG TTCAATATTA CATGATGTGC ATGAAAAGTC 960  
 ATACTCGAAG ATGTTGATTA TTAAGTAGAA TTAGTGGTGA TAAATTTGAA GCACTTTTGT 1020  
 30 AGCATCATTC ATTTTAAAAT TAGAAGGGGG GATATTTTGG GAAGACTATA AGCAACGAAT 1080  
 TAAAAATAAA TTAAATGTCG TACCTATGGA ACCAGGATGC TATTTAATGA AAGATCGTAA 1140  
 TGATCAAGTG ATATATGTTG GCAAAGCTAA AAAGCTAAGA AATCGATTGC GATCATATTT 1200  
 35 TCACGGGTG 1209

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 463:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2410 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 463:

AGTTCAACAC GACGAATTTT ACCTGAGTTT GTTTTTGGTA AGTCGTCAAC GAATTCAATC 60  
 50 TCTCTCGGAT ATTTATATGG TGCAACTTCA TTTTAAACAA ATTGTTGTAG TTCTTTAACT 120  
 AACGTATCAT CACCCGCAGT ATGGTCCTGT AAAATAACGA ATGCTTTAAC AATATTTCTT 180



	AAGGCTTTAA AGAATATCAT GAAGCTAAAG GATCACAATT GCCGAAAATG TTTGGCTTCC	1860
	AAGCTGAAGG CGCATCACCA ATTGTTCAAA ATAAAGTCAT TAAAAATCCT GAAACGATTG	1920
5	CAACTGCTAT TCGAATTGGT AATCCTGCTA GTTGGGATAA GGCGACTAAT GCTCTTAAAG	1980
	AATCAAATGG ATTAATAGAT AGTGTTACTG ATGATGAAAT TCTAGAAGCA TATCAGTTAA	2040
10	TGACAACTAA AGAAGGTGTC TTTAGTGAAC CAGCGAGTAA TGCTTCTATT GCAGGTTTAA	2100
	TTAAATTGCA TAGACAAGGT AAATTACCTC AAGGTAAAAA AGTAGTTGCT ATTTTAACTG	2160
	GTAATGGATT AAAAGATCCT GATACTGCTA TTTCACTACT AGATAATCCG ATAAAGCCAT	2220
15	TGCCAAATGA TAAAGATAGC ATTATCGATT ATATTAAAGG AGCTTTATAA CATGTCGAAT	2280
	GTTTTGGAGT TAACAATTCC TGCATCAACA GCCAACCTTG GAGTTGGCTT TGATTCTATA	2340
	GGTATGGCTT TAGATAAATT TTTGCATCTG TCTGTAAAGG AAACATCAGG GACAAAATGG	2400
20	GAATATATTT TCCATGATGA TGCATCTAAG CAATTGCCTA CTGACGAAAC AAACTTTATT	2460
	TATCATGTAG CACAACAAGT TGCTTCTAAA TATAGTGTG ACTTGCCTAA TTTATGTATC	2520
	GAAATGAGAA GTGATATTCC ATTGGCAAGA GGGTTAGGTT CGTCAGCTTC TGCTTTAGTA	2580
25	GGAGCTATAT ATATCGCAA TTATTTTGGT GATATCCAAC TGTCTAAACA TGAGGTATTA	2640
	CAATTAGCGA CTGAAATCGA AGGACATCCT GATAATGTTG CGCCGACCAT TTATGGTGGT	2700
30	TTAATCGCTG GATATTATAA TGATGTCTCG AAAGAAACGT CaGtGCACA TATCGACATA	2760
	CCAGACGTGG ATGTGATTGT AACGATACCA ACTTATGAAC TAAAAACAGA AGCATCAAGA	2820
	CGTGCTTTAC CACAAAAATT AACACATAGT GAAGCGGTTA AAAGTAGTGC AATTAGTAAT	2880
35	ACAATGATTT tGgCATTAGC ACAGCACAAT TATGAATTAG CAGGTAAACT CATGCAACAA	2940
	GATGGCTTTC ATGAACCGTA TCGTCAGCAT TTAATTGCTG AATTGATGA AGTGAAAACA	3000
	ATTGCTAGTC AACATAATGC CTATGCAACT GTAATTAGTG GTGCTGGACC AACTATTTTA	3060
40	ATATTTAGTC GTAAAGAAAA TAGTGGGGAA TTGGTTCGCT CTTTAAATAG TCAGGTAGTA	3120
	TCATGCCATT CTGAA	3135

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 462:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1209 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 462:

	GACAGCAAAT TCAAGATACA TTAAATAAAG ATATTGTCAT AAAGCATATT CTTGTTGAG	60
	ATAAATCTAA AAAGAGACCG CTAAATATTA GCCAATATCA TTAACTGAA GATGTTAATG	120
5	AAATTTTAAA TGATGATTCA TTAGATATTA TCGTTGAAGT CATGGGAGGA ATTGAACCAA	180
	CTGTAGATTG GTTAAGAACA GCACTTAAAA ATAAAAACA TGTTATTACC GCAAATAAAG	240
	ATTTATTAGC AGTACATCTT AAACCTTTAG AAGATTTAGC AGAAGAAAAT GGTGTAGCTT	300
10	TAAAGTTTGA AGCGAGTGTA GCAGGTGGTA TTCCGATCGT AAATGCCATA AATAATGGTT	360
	TGAATGCGAA TAATATTTCA AAATTTATGG GAATTTTAAA TGGTACCTCT AATTTTATTT	420
	TATCTAAAAT GACTAAAGAG CAAACGACAT TTGAGGAAGC ACTTGATGAA GCGAAAAGAC	480
15	TTGGTTTTGC TGAAGCGGAT CCAACTGATG ATGTAGAAGG GGTAGATGCA GCGCGTAAAG	540
	TTGTCAATTAC ATCATATTTA TCATTTAACC AAGTCATTAA ATTAAACGAC GTTAAACGAA	600
	GAGGAATTAG TGGCGTAACT TTAAGTGATA TTAATGTAGC CGATCAACTG GGGTATAAAA	660
20	TTAAATTGAT TGGTAAGGGA ATATATGAAA ATGGCAAAGT TAATGCATCG GTAGAACCAA	720
	CGTTAATTGA TAAAAAGCAT CAATTAGCAG CTGTAGAGGA TGAATATAAC GCGATTTATG	780
25	TTATTGGTGA TGCCGTTGGT GACACGATGT TTTATGGAAA AGGAGCAGGC AGTTTAGCAA	840
	CAGGTAGTGC CGTTGTCAGT GATTTATTGA ATGTAGCATT ATTCTTTGAA TCAGATTTAC	900
	ACACATTGCC ACCACATTTT GAATTAAAGA CAGATAAAC ACGGGAAATG ATGGATTCAG	960
30	ATGCAGAAAT TAATATTAAA GAAAAATCCA ATTTCTTTGT AGTAGTGAAT CATGTCAAAG	1020
	GTTCAATTGA AAATTTTGAA AATGAGTTAA AGGCAATATT ACCATTTTAC CGATCATTAA	1080
	GAGTTGCAAA TTACGATAAT CAATCATATG CCGCTGTTAT AGTTGGATTG GAATCATCAC	1140
35	CGGAAGAATT AATCACTAAG CATGGATACG AATTGACAAA GTATACCCAG TAGAAGGAGT	1200
	TTAATTATAA TGAGAAGATG GCAAGGATTA GTAGAAGAGT TTAAAGCACA TTTACCAAGTA	1260
	AATGAAAATA CACCAAAATT AACATTGAAC GAGGGAAATA CACCACTCAT TCATTGTGAA	1320
40	AATATGTCTA AAATACTAGG CATAGATTTA TATGTGAAGT ATGAAGGTGC CAATCCGACA	1380
	GTTCAATTTAA AGATCGCGGT ATGGTAATGG CTGTGACAAA AGCAAAAGAG CAAGGTAAGA	1440
45	AAATTGTAAT ATGCGCTTCG ACTGGAAATA CATCAGCGTC TGCAGCAGCA TATGCAGCGA	1500
	GAGCAGGTTT AAAAGCTATC GTCGTAATAC CAGAAGGTAA AATTGCATTA GGTAAATTGT	1560
	CGCAAGCAGT AATGTATGGT GCAGAAATCG TTTCTATTGA AGGAACTTT GATGAAGCTT	1620
50	TAGAAATTGT AAAAGAAATT GCAAAAAGTG GCGAAATCGA GCTTGTAAC TCTGTCAATC	1680
	CATTTAGAAT CGAAGGACAA AAGACAGGCT CATTTGAAAT TGTACAACAA TTAGACGGTG	1740

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 460:

5 ATCTGCAATT ATGGGCACAC CCAAGCTnAT GCAAGTAACT AAAGGAGAAG TACTTTTAGA 60  
 CGGTGTAAAT ATTTTAGAaT TAGAAGTTGA TGAAAGAGCA AAAGCAGGAT TATTCTTGGC 120  
 AATGCAATAT CCATCAGAAA TTACAGGTGT TACAAATGCT GATTTTCATGC GTTCAGCAAT 180  
 10 CAATGCGAAA CGTGAAGAAG GACAAGAAAT CAACTTAATG CAATTTATTA AGAAATTAGA 240  
 TAAAAACATG GATTTTCTAG ACATAGATAA AGACATGGCA CAACGTTATT TAAATGAAGG 300  
 TTTCTCAGGT GGAGAGAAGA AACGTAACGA AATCTTACAA TTAATGATGT TAGAACCTAA 360  
 15 GTTTGCaATC TTAGATGAAA TCGATTcAGG GTTAGACATC GATGCATTAA AAGTTGTATC 420  
 TAAAGGTATT AACCAAATGC GTGGGGAAAA CTTTGGTGCA TTAATGATTA CACACTATCA 480  
 20 ACGATTATTA AATTACATTA CTCCTGATAA AGTACATGTA ATGTATGCTG GTAAAGTCGT 540  
 TAAATCTGGT GGTCCAGAAT TAGCAAAAACG TCTTGAAGAA GAAGGATATG AATGGGTAA 600  
 AGAAGAGTTC GGTTCAGCTG AATAATCTTA TTAATACAGT ATCCATGAGA TGTTcATCTA 660  
 25 TATATGATGA AAATGAACAT TTATACGAAA TAGTAAATTT CATCAAGTAG GAGGAAAAAG 720  
 TTATGACAAC TGATATTTTG rACaTTyCTG AAGAACAAC TGTTGATTAT TCTAAAGCCC 780  
 ACAATGAACC TTCTTGGATG ACAGAATTAC GTAAAAAAGC TTTGAAATTA ACAGAACTT 840  
 30 TAGAAATGCC AAAACCTGAT AAAACAAAAT TAAGAAAATG GGATTTTGAT TCTTTTAAAC 900  
 AACACGATGT AAAAGGTGAT GTTTATCAAT CTTTATCACA ATTACCTGAG TCAGTAAGAG 960  
 AAATTATTGA CGTAGATCAT TCTAAAAACT TAGTAATTCA ACATAATAAT ACGATTGCGT 1020  
 35 ACACACAAGT TGATGATAAT GCATCGAAAAG ATGGCGTTAT CGTTGAAGGT TTAGCAGACG 1080  
 CTCTTATGAA CCATAGTGAT TTAGTACAAA AGTACTTTAT GAAAGATGCA GTAACAGTAG 1140  
 ATGAACATCG TATCACAGCG CTACACACGG CATTAGTTAA TGGTGGCGTA TTTGTTTATG 1200  
 40 TTCCTAAAAA TGTAGTTGTA GAACATCCAG TACAATACGT TGTGTTGCAC GACGACGAAA 1260  
 ATGCAAGCTT TTATAACCAT GTTATCATCG TTACTIONAAGA 1300

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 461:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3135 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

CTCTTCAATA GTCTTGAAAC AACGTTTCATC AACAAATGATT TCAAATTGCA TTAAGAATTG 1440  
 TAACCCCTTGT ACAACCGAGC CCTTCCCTTT TTTGGTTGGT AAAATCCTTT TAAGCCCTAG 1500  
 5 ATTCCTTAAT TCAGCTATAC TTTTTGTTC TGCACTATCT GCTGTAATTT CTTCTTTAGC 1560  
 ATAACCAAGT TGCTTTATGA CATTAGCTAT TTCATCATTC AGCATACCTT GTTTAACATA 1620  
 CTCTTCAATG ATGTATAACT TCTTTTCTT TACATCTATT TTAGAATGTA TAAAAGCACT 1680  
 10 AGGATCATT ACGTAGCCAA AGTCCAATCC AAAATAAGAA GGTAATGTC TTAATCATC 1740  
 TTTATTTATT AAACGTTTTT CATACTTAGG GAAAACCAAT TTGTCTAGTG TAGCAAATTC 1800  
 ACCTAACGCA TAAA 1814

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 459:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 686 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 20 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 459:

AATTNAGATT ATTACCCTCC TTAAAAATA TTTGTTTCAC AATTTTTTAT TACCTATTTA 60  
 CTGGTTTCAT GTCTTATGGG GCATTTTACT TGTGTTGATT TGAAAATGTG CAAAATTTAA 120  
 30 TCTTATATGT TTCTTGGCTT TTCATGACTA TGCTATTTAT GTTTATGAAT ATGCATTCAA 180  
 TTATAGATAA AAAAGTACAT ATATTCTTAA AGTCTAATAA ATAGTTACAA ATTTAGTTAG 240  
 TTTTCAATTG TTAATTAGGG GTGGTAAACA GTGCTTTGTG AATCTAGACA AATTTATAAA 300  
 35 AATCCTAAAT ATCGAGTTAT TAGATATAAT AATGAATATT TCATGGTCGA TTTAGTAAGT 360  
 ACTTGGATTA CTTATTTTTT CCCTATGATT AATTGGTTTT TGCCCCAAAA ATACGCAAAA 420  
 ATTAGCGAAA ATGAATTTGA AAGGTAAAT ATAGTCGAGC CTGTTAAAAA TAATGTTTTT 480  
 40 TGGCCGGTTG CAGGAAGTTC AGTTCTATTT GGAATTATAT TGAGAAAGTA CGGTAACCTC 540  
 TTTAATGTTC AGTTTGAAAA ACAACTAGCA ATCACTGTAT TTTTATCAT GTTAATAGGG 600  
 45 ATGTTAATTT TTTATTTTTT TCTAAATAAA AAATTAACAT TAAAAATTTT TAATACCAAC 660  
 GTGGGTAATA AGAATAGGAG TTGTAT 686

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 460:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1300 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 55 (C) STRANDEDNESS: double

TT

1142

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 458:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 1814 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 458:

15	CCTTTAGTAA ACAATCCTTC TTTAGTTTTA GTACGTTGTT CCAATCCAAA TAATTTGTAT	60
	TTCATTGCCT CGCCCGATTG AGTGCCGCTA AAGTTATCAT CTTTCATGTT AGGCGTGTGG	120
	GTAAACATGT GTATATCACT GTTTAAACGG TCTTTATAAG CTTCGGTACC TTGTACATCG	180
20	TATTGCTTAT AAATATAACC ACCATCAACA GAGCCTTCTG TTTCTCTACC TTCGCTATCA	240
	GCATAAACAG TCGGTTCTAA AAACAACACG TTAGCTTCCT TTTGTTTTCT AACTTCTACA	300
	GGATCTAAAT TTAAATTACC TTTAATAAGT AACATAGCGT CATTTAAATC ACTCATATAG	360
25	TTAGCAsymy CTGATTCAGC ATTATCATAC AAATCAATTA AAGTGATTAC TTTCTCATAA	420
	TCCCCTTTTT TTTCTTCGTT GTTGCTAAAT TCTGTAATAG GCATACGTTT GAAAGAGTGT	480
	GATTCAAAAC CGTTTTACAG TGGTGTGAGC TTCAATCCAT TTGTTCTACT GGTAAGATAT	540
30	CTATAAACAC CGTGTGAAGT GAATAAATCA ACTGTAAACA CTTTCATCTTC GTCAGTCTTG	600
	TCTATTGGTT TAGTTCTTAA ATATCTAACG CCTGCGATAC TATTACGTTT AATTGTATTG	660
	TCGTATATGA CAAAAGTACT CATTGCATCA CTCTTGATA AACGCGTTTC ATCATCTTGG	720
35	TTTCTAATCA TTAATCATA AGCTTTGCCA TAAATTGACA AATCTAATCC TAAAGATCTA	780
	TTGTGTGACT CAACATCATT TAAATCATTG AACGCCTCAA TAACTTCTAA TACATCTTTG	840
40	TCATCATCTT GATATTGAAT TGGATTACCC AAGAAATAGC CGTTGATAAA ATCGCTAATA	900
	TAAGATGCGT AATCATGCGC TACACGGTTA TCTGCCATGT ACTCTTCTTT GCGTCGTGTT	960
	AACTCAACTA AGTTCTTAGT TTTACCTTCG TAATAATCAC TTAACACTTT CAATCTAGGT	1020
45	CGTTGGTAAT CCATGTGATG TTCAATGTAT TTACTTACTT CATTACGTT TTGTAATAAA	1080
	TCGGATTCCG TCCCGTCATA TGTGTAAACA ACATTGGCTT CATCATTAAT TAAGTAATTT	1140
	ATGTTTCCCC GTAGATCTGT ATCTGTTTCA AATTCGTTTA CTTTAAACAT TTGTTCCCTC	1200
50	CTATAATCCT AGAGATTTTA TTGTGTCAAC TTTCGAACTG AGATTTGTGC GTTTCTAATC	1260
	CGGTCTGTAG AATCGTTCCA CTGAATAACG CAACGAATCG ATACAATGAT TGTATGTATC	1320

TATAACGAAA AAGGTTGGTT AAATGAATCA GGTGCCAAAT ACCCTGTTGA AGTTGCCATT	1080
TTAAAAGATA ATGTATTATT GACTATCGAC ACATCAGGTT CTGGTTTGAA CAGACGTGGT	1140
5 TATAGATTAG CACAAGGTGA AGCACCAATT AAAGAAACGT TGGCAGCAAG TTTAATCCGT	1200
CTTGCCAAAC TGGGAAAGGT GATTACACCT TTnAATTGGT CCCATTTGCG GTTCnGGTTA	1260
CA	1262

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 457:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1142 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 457:

CCTGGCTGCT TTATCAGCAT CTACTACTTT AAAACCGAAT ACGGATAAGA GTTCTGATAC	60
TGTTGATTTT CCTGAGGCGA TTCCACCTGT TAGACCAATA ACTTTCGGCA TAATTTCACT	120
25 CTTTCTTTAT TTTTGACATA CTGGACAATA ATGACTATTT CTTGTGCGGA TGATTTTGT	180
TTCAATTTGA CTTCCACACA CTTTGCATAC CGGCTGCTTA TATACATTAA GATGCAATTG	240
CATCTCACCA GTTTTTCCAT CAGCATGACG ATAATCTGAA ATACTTGTA CCGCATATTT	300
30 AATACCTTCT TCTAGTACTT CTCTAACATA ATAAAAAACC ATTTCTTGTT GTTGGTGTGT	360
TAAGTCTTTT ACTTTTTTAT CTGGTAAAAC ACCTGCACGA AACAACGCTT CACATGCGTA	420
AATATTTCCA CAACCTGCGA TTACTTTATG ATCCAAAATC ACTTGTTTGA TTGGTTTATT	480
35 CTTATTAGAC TGTTGATGAA TTCGATTTAA ATAATACGTC AATGCTTCAT TTGAAAAAGG	540
TTCAGGCGCT ATTTCTAAAA ATGAAGGATA AGATGCTACA GACGCAACAT TTCTAATTC	600
40 TCCAAAACGA CGTATATCTG AATAAATTAA CTTTTTGTCA TTTGACAACT CAAAAATAAC	660
ATGCCAATGC TTACGATAAT TAGGTATCAT AATATCTTCA AGTTCATCTA CAATGAAAAA	720
ACCGCCCGCC ATACCTAAAT GACTAATTAA TGTACGTTGT TCTCGTTTAT TATCTAGCTG	780
45 AAAAAAGATA TATTTACTTC TTCGTTCTAC ATTTGTAATG GTATAGCCTT CCGATAAAGT	840
TTTAAAAGTA TCTAATTCAA TTCCTTTTAT AATTGTTTCC TTGCCTTGAG CTTTACCTTC	900
GATTACTTTA TCCGAAAATA TAACGTGTTT AATTTTTTGA TTTATAACGT AGGGTTCAAT	960
50 TCCTCTTTTT ACATGTTCTA CTTCTGGTAA TTCGGGCATA CCATTAACCT CACTTTATTT	1020
TGCATCATAC CAGGTTGCAC CATAACTTGA GTCTACTTTT AATGGAACAT CTArTTGCAA	1080

AAAGTTATTC CGCAATCATA TGC GTTACTA TACATAGATA AGCAAGATCA AGCAATAGCT 720  
 AAAGAAGATT TATCACTTTC AAAAATTGCA AAAGTTTATG TGCAATATGA TGATACAACA 780  
 5 ATAATGAGTA TTTTCGTTTA TGATGTAGTA AACGATGAAT GGATTTT TAG ATTGGATCCG 840  
 AATATACGTA TACCTAAGAG TAACATATAC TTCCATAGTT TAAATTGGGA TGTGGATATA 900  
 TTAAACCGGA GtCGTCTAAT GTATGTCTAA TGCaCACCAT CAGaTCATCA TtATCCATTA 960  
 10 TAAcGrGCAT AGTGCATAAn yACTwCatTT TaTTaaATTG AGaGGgGCAC GATAGGTGCA 1020  
 TCAGGACATA ATATAGGAAG CATCAACGCG TGAnCAGGTC 1060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 456:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1262 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 456:

25 ATAATnACTA AATACnAAAG TTAACTGTC TTAATAATA TGACTATGTT ATAATTTTAA 60  
 AAGTGATATT TTGGGTAATC GCTATATTAT ATAGAGGAAA GTCCATGCTC ACACAGTCTG 120  
 AGATGATTGT AGTGTTTCGTG CTTGATGAAA CAATAAATCA AGGCATTAAT TTGACGGCAA 180  
 30 TGAAATATCC TAAGTCTTTC GATATGGATA GAGTAATTTG AAAGTGCCAC AGTGACGTAG 240  
 CTTTTATAGA AATATAAAAG GTGGAACGCG GTAAACCCCT CGAGTGAGCA ATCCAAATTT 300  
 GGTAGGAGCA CTTGTTTAAAC GGAATTCAAC GTATAAACGA GACACACTTC GCGAAATGAA 360  
 35 GTGGTGTAGA CAGATGGTTA TCACCTGAGT ACCAGTGTGA CTAGTGCACG TGATGAGTAC 420  
 GATGGAACAG AACATGGCTT ATAGAAATAT CACTACTAGT TTAGCTCTCC TAGATGATGG 480  
 AGAGCTTTTT TCATGAAAAG AACACTTAAA ATTAACGCCy TGTCTTGaTA tAATGACaCT 540  
 40 GCcTTGTTTT AAAATAGTAA GCGGATGCgT TAATGTATCA GCGATTAAAT TTGTTGGAAA 600  
 TGTATAAAAA ACACAAGCTA AGAATAAAAT ACCTGTATAA AAGGAGAATC ATATATGTTT 660  
 45 CAATTACTTG CAGTTTGTCC GATGGGATTA GAAGCTGTTG TTGCTAGGGA AATTCAAGAA 720  
 TTAGGCTATG AAACAAATGT TGAAATGGT CGTATATTTT TTGAaGGAGA CGCAAGTGCA 780  
 ATTGTAAAGG CAAATTTATG GTTGCGCACA GCAGACCGAA TCAAAaTTGT TGTTGGACGT 840  
 50 TTTAACGCAA CAACGTTTGA CGAATTATTC GAACAAACCA AAGCGCTCCC TTGGGAATCT 900  
 ATAATTGATA AAGAGGGTAA CTTCCCAGTT CAAGGTAGAA GCGTTAAATC AACACTACAT 960

	GTAAATGTAT CGCCCTCTTT AACAGAATCA TCGATTGTGT AATTGCTTT TAATTTTAAA	3660
	ACATCACTTG AAGTTGCCCA AAATTCAGTT TTACCAGTAG TCTGATTAAC ATGTCCTTTA	3720
5	TCAATCGCAA TGTCAATATT TGAAAAATGT ACTTTATCAT TAACATTTGT TCCTTGTTGT	3780
	GGAGCTGCAA CAGTATTCAC TGCCATGCGA TTTAAAGTTC TTGGTTTAAT AGTCGTTGTT	3840
	TTAGGTGTAG TTGAAACATC TTTTGCTTGT GTTAAATTAC TTTTATCAGT TTCATTACTA	3900
10	TATGTAGTTG ATGATTTATC ATTTGTTGTT ACATTGCTAG TTTTGTAGT AGATTGATTA	3960
	GCTGTAGCGT TTTGTGGTGA TTGCATGTTA CTAAGTATT CTTTAACTGT TGCACTATCA	4020
	CTCATTGTCA CTTTAGGCTG ATCTGCAGTT GCAGTTTGCG TATTGTCTTT TAGTTGACGA	4080
15	CTATCAACTT TTTTAGTTGT TTTATTCTCA CTTGGGGCTG TCGTTTCATT TTTGATTGA	4140
	TTTAATTCTC CATTTCGTATG TTCTGCGCT TTAGCTTCAT GACCACTTAA CCCAAAAATC	4200
20	AATGTTGTCC CTAATAAAAT TGAAGCAGTA CCTACAGAAT ACTTTCTTAT CGAAAATTTG	4260
	TTTAATCGAT TTGGTATCAT GCCTTTnCTA TTTGTnGCTG TCTTTTTATA ATTCATTAA	4320
	TAATACTCCT TAAAAATATC AAAATTTGAT AAATATAA	4358

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 455:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1060 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 455:

35	TTGACTTCTT AATTCAGCAT TTTCTGCACT TAATGCTTTG TTCTTTTAA TAAGTTGCTT	60
	TCTTGCATAA ACTTCGGTAT CTATTTTACT ATTACTATAC CTTTGATTTA AACTAATAT	120
40	ACCAATTAAT GCTACAATGA TAATGATAAG TACAACATAA AAAGACATTT TTCACCAAT	180
	CCTTTTGTAC TTCTTTAACT TTGTATACAA TAATAATTAA TAAAGATTAA TTGTTATTCA	240
	ATTTCCCACA TTTTATTAG TTGATTTTAG TTCATCATTG TTATAATCAA ATTATAAACT	300
45	GACAGATATT GATGTTCAAT GAATATGACG TGAAAGATTC GTGAATTCAA GTTTATGTCG	360
	AATTTATGTT ATAACGGTCA TTTAAATGAC AGAATTAGGT CACTCATAGT ATTTTGAAGA	420
	TTGAATTCAT TAATTTTAAA ATGTATAATG ATATTGTGA AAGCGCTTGC TTAGGAGGTG	480
50	TATTTGAGAG TGAATGAAAT GAATGCTAAA GAACAATTAG TGGACAATTT AATGAAAACA	540
	TCATCGCAAT TATTTAAATT TCACGGTGAA GTTGCCATGC AGCTTTTCTT AAATGATGAA	600



	TCTGAATCTG AGTCGCTGTC TGAATCTGAA TCACTGTCTG AGTCTGAGTC GCTGTCTGAG	1860
	TCTGAATCGC TGTCAGAATC TGAGTCGCTA TCTGAGTCTG AATCTGAATC ACTGTCTGAG	1920
5	TCCGAATCGC TATCTGAATC TGAATCGCTA TCTGAGTCTG AGTCGCTATC CGAATCTGAG	1980
	TCGCTATCTG AGTCTGAGTC GCTATCCGAG TCTGAATCGC TGTCTGAGTC TGAGTCGCTG	2040
10	TCTGAATCTG AATCGCTATC TGAGTCTGAG TCGCTGTCTG AATCGCTGTC TGAATCTGAG	2100
	TCGCTATCTG AATCTGAGTC GCTATCTGAG TCTGAATCGC TGTCAGAATC TGAGTCGCTA	2160
	TCTGATGTTT CTCTCTCGTA GTAGCCATTA TCAAGTGTGA AATCATCATG ATCCGTAATT	2220
15	GTTACATCAA CTTCGCCACC ATCGGCATCT TTATCATCTT CAGTTGTATT TGTACCTGTT	2280
	TGAGTTAAGC CAGCAGGTTT TTCAAAGATA ACTTTGTATT TACCACTATC TAAATTATCA	2340
	AAGCGGTATT TACCATTTTC ATCTGTYTCA GTTGTACCAA TTACTTCGCC TTTTTCGTTT	2400
20	TGCAAAGTAA CTTTAACACC TTTAATTCCT TTTTCAGTCG AATCTTGTTT ACCATCTTTA	2460
	TTACTGTCGT ACCAAACATA ATCACCTAAA CTATATTTTG GTGTTTTGTA GAATCCACTA	2520
	TCTAATGTCA TGTTGTCAGC GTCTTTAATG ACACCTGTTG TAGTTAGTCC ATCAGAATCT	2580
25	ACAGCATCAT CTGTACCTAC ATTTGCAGTT GTCGGTGTAT AACCGGCTGG TGTGAAAAC	2640
	TCTACACTAT AAGTTCCATT GCTTAAACCA GTGAAGTAT ATTTACCATT TTCATCTGTT	2700
	GTCGTACGAT CTAATTCCTT ACCGTTACTA TCTTTAAGAA TGACATAAAC ACCTTTAATC	2760
30	CCTTTTTTCAT TGGCATCTTG TTTACCATCT TTATTTGTAT CTTCCCATAC ATAGTCACCT	2820
	AGATTATATT TCTTTTGGTC GCCATTAGCA GTTGATGAGC CATTACATT TGAATAACTA	2880
35	TTTGACCAAC TATATTTAGT TTTGTCAGTG TCTAAAGTAT AATCAATTTT TCCATTATCT	2940
	GTTGAACTAT TATCTGGATA AGCAACTTGT TGAATGATGT ATTGTTTATT GCTGCTTGTT	3000
	TGGCCTTTCA TTAAATCGAC TGTAGCTGTT TTATTATCAT TACTATAAAT AACATCGAAT	3060
40	TGATCAGTAA CATCTTTAAG TTTTGAAGTA TCAGGGGTGA AACTATCCAC AAATTGATTT	3120
	TGATCTGtCA CTtCGTAAAT TTTGAAGTTT TTTGCATTTG GATTAAATTT ATATCCAGTT	3180
	AAATTAGTAA CAAACGTTTG TTTAGTATAT GTATTTTtag GTTGATTTAC ATATGCAGTC	3240
45	ATATTACGCG ATAAATCTTC ATTGTTAATA TAGTTTGTAC TTGAAATAAG CGGTTGTGCT	3300
	TTTTTATTAC CATAATCGAC AATGATTTCT TCGCTATATG TATCATTACC TAAAGTTACT	3360
50	TCCATTTTAT AAGCTGTTTT ATCAGTTGTT GCATTTTtAC GTTTCGCAA TGCAACTTGT	3420
	TCAAAGCTAC CTCTAACATT TGTATATTGA TCTACATAGT TCGTAAAAGT ATATGTTGTT	3480
	GTGTTTGTG TACTATCATA AATACCTTTT GCAATAATAT TACCTGGGC ATTATATAAA	3540

55

	ATTTGGATCT	TTAATATCAC	CAATATTTTT	AATATCTTCC	GGATTCAATC	CATATACTTG	60
	TACTGTATCT	GAGTATTTAA	TTGTGAAATA	ATCACCTGAT	TTAACTTTGT	CATCAACTGT	120
5	AATTTGTGAT	TTTAATGATA	AATAATCTTG	GGCTGGTACG	ATTTTATTGT	TTTTATCTGC	180
	ATCAACGACA	GTTAATGTTG	TATTTGATGT	GATTAAATCA	TTAACATTTT	TAGCCTCTGT	240
	TGATGATGGC	TGTAATGCTG	CTATACGCAT	TCTTGTATTG	AAACGTTTAG	GTGCTGTACT	300
10	TTTTGGCAAA	ATGATATCTG	CATTATTTTC	ATTATTTGAA	TTACTATTGT	TATCAACAAG	360
	AGTTTCATCA	TTACTCTTGA	TAGCATCACT	TTTAACATTT	AATGTAGTTG	ATTCAGTTTT	420
	GGCATCTACC	TTTTTGTTTT	CCTCATTAGT	TGGTTGAACA	TTTACCACTG	ATTTATTCTC	480
15	TTGCAAAATCA	GGTTGTAACG	CTTCTTGATT	ACTTATAGTT	TGTTTAGTGT	TTAAATCTTC	540
	ATTCGTAGAT	TTTGGTGAAG	CTTGCTCATC	TGATTTGGCA	GTTGAAACTT	CAACTTTATT	600
20	TCCAGTGGTA	GATTGTACAC	TTTCTTTTTT	TATTAATTTA	TTCCCATTTG	AAGTCGTTTT	660
	ATTACCTTGA	GATGATACCA	TTTCTTTTTG	ATTATCATTT	TTAGTATTGT	CTTCTTGATT	720
	TAGTTGCTGC	ATATCAACTT	TATCACTCGA	TTGATTATCA	CTTGCTGAAG	TTGTCGCTCG	780
25	TTCAATTCTT	TATTAGTACT	TTCTGCAGCC	TTTGCTTCTT	GGTTCCCCAG	ACCAAAAATT	840
	AATGTTGTAC	CTACTAAAAT	TGATGCTGTT	CCCACTGTGT	ACTTTCTAAT	CGAAAAATTA	900
	TTTAATCGAT	TGGATACCAT	GCCTTTCCTT	GTTATTGCCG	TTTTATTTTC	TCTGTTTAGC	960
30	ATTAGATTAC	TCCTAATTCA	TCAAATTTTT	AAATAATACA	ATTGTTTTAA	ATACAAAAAT	1020
	GTATATCAAT	ATAGTATTAC	ATTTTTAGAT	AAAGCACAAT	ACTTTAATTA	TTTTTCTTTA	1080
	TCGTAAAACG	TTATTTAACA	TTTGTGTTTA	AATAAAAGTT	TTTATGAGTT	TTGTAATCTT	1140
35	TATTTAATCA	TCATAAAAAA	TAGTATTATT	TGCCCTTGAA	ATTAATATCT	TAGCTTTTCT	1200
	AATTCATAGA	CAATTACATT	TCTGTAACAA	ATTAAATTGT	ATCTATTCTT	TAAAGATTTT	1260
40	TTGTTTTATA	TCTGGGAATT	TCTAAACAGA	AAAAACCAGG	CCACATGGAC	CTGGTTAAGT	1320
	TAATCATATT	ATTTATTTTG	TTTTTTACGA	CGACCGAATA	ACAATAATGA	TCCTAATGCC	1380
	GCGAATAATC	CACCGAATAA	TGTGCCATTA	TTTGAATTAT	TATTTTCACT	ACCTGTTTCT	1440
45	GGTAATGCTT	TAGCTGTTTT	ATGCTGATCT	TTAACCGTAC	TCATTGGTTT	AGCCGGAGTA	1500
	TGTTTACCTG	CATCTGAATC	TGAATCGCTA	TCTGAATCTG	AGTCGTTGTC	TGAGTCCGAA	1560
	TCGCTATCTG	AATCTGAGTC	GCTGTCTGAA	TCTGAATCGC	TATCCGAGTC	TGAGTCGCTA	1620
50	TCTGAGTCTG	AGTCGCTATC	TGAATCTGAA	TCGCTGTCTG	AGTCTGAATC	GCTATCTGAG	1680
	TCTGAATCGC	TGTCCGAATC	TGAGTCGCTA	TCTGAATCTG	AATCGCTATC	TGAATCTGAG	1740

ATACTATTGG CAAATTTATA AAGTAGTTCA GCGTTTTTCA ATGACATATT GTCTAATGAT 3480  
 CTTTCATTTT TTCTCATTCT GTGTATTGTG CTTTGTGGAA CTCCTGTTTG TTTCGATATA 3540  
 5 TGTAAGCTGC TCAAATCACT GTCTAATAGT TTTTGAATTT GATTTCTCAT TTTGTACACC 3600  
 CCCTTGTAAG TCTTCAATCA TCAATTTAAAT TAAATAATTA CTTTTCCACA TATTCCAATA 3660  
 10 TTTAGGTTGC AAAGCATACC TCAAATATCA TTAATTTTGA GATTTAAATG TCAATTATGT 3720  
 GTCTATCAAT CCAATATACA TACTCTAATA ACGTAATAGT ACACACTCTT CTTATTAATT 3780  
 GGCCATAGCT ATCATGATAT AATTAGTGAA GAAAATCACA TAAGAAAGGT TGTAATCAT 3840  
 15 GAGACTTCAA AAAGCACCTC TAGTAACGTC AGGACTAGTC TTAGGATTAT TAGGCCTGGG 3900  
 TAATCTATTA AAAGACTTAT CTCTTACTTT AAACGCTGTT TGCAGGAATCT TTGCTTTCTT 3960  
 GATTTGGATT CACCTTTTAT GTACTATGAT CAAATATTTT AATAATGTGA AAGAACAATT 4020  
 20 AAACAGTCCT CTAGTTTCAT CAGTGTTTAC AACATTTTTC ATGTCTGGCT TTTTAGGTAC 4080  
 TACTTATTTA AATACATTTT TTAGTAACAT AACTTTTATC AATAGCTTAA TAACGCCTAT 4140  
 TTGGATTTTA TGCCTTGTGG GAATTATGAC GCATATGATT ATTTTTTCAA TAAAATATTT 4200  
 25 AAAAGATTTT TCACTTGAAA ATGTTTATCC TTCGTGGACT GTACTTTTAA TTGGTATTGn 4260  
 TATCGCAGGA TTGACGGCAC CCGTTAGCGG ATATTTTTTC ATAGGTCAAT TAACAGTAAT 4320  
 ATATGGCTTT GTAGCTACTT GTATTGTCTT ACCTATAGTT TTCAAGCGAT TAAAAGCATT 4380  
 30 TCCATTGCAG ACGTCAATCA AACCGAACAC ATCGACAATT TGTGCACCAT TTTCTTTAGy 4440  
 CGCTGCAGCA TATGTTATAG CTTTTCTTAA GCGGAATGCT TTTATCGTAA TTATATTTTT 4500  
 ACTATTAGCT CAAATATTTT ATTTTTATAT CATTATACAA TTGCCTAAAT TACTAAAAGA 4560  
 35 ACCTTTTTTCG CCCGTATTTT CAGCTTTCAC ATTCCCTTTA GTAATCTCAG CAACTGCTTT 4620  
 AAAGAACAGT TTGCCTGTAC TTATGTkTCC AGACATTtGG AAAGGkCTTT TGTTTATCGA 4680  
 AGTGTTATTA GCCACTGTAA TAGTACTTAG AGTCTTTATA GGATATCTTC ACTTCTTTTT 4740  
 40 AAAAAAGGAA AAACAAGATA AATTTCTnCG TAATGCGTCT CAGTAACACT ATTACCAAGA 4800  
 ATTAACACGT ATATTTAATA 4820

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 454:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4358 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

	ACGGCGTCTG	ATTTAACCTT	CTCTTTTGCG	TTTCGGTTAC	ACCATTAGTA	ACAATATATA	1680
	AATCATGTCT	TTTCGATAAT	TCGACAATTG	TTTCTAATGT	TTGATCAAAG	TATTTAACTT	1740
5	TAGCTTCTGC	TAATCCATTT	CTAAATAACA	CATCTGCACG	ATGCCCATCA	ACTTCCATTT	1800
	GATGATGTTT	GAAGTAATTC	ACAAATCGTT	CTGATAATAC	TTCAGACTTC	GkTAATTTAT	1860
	TTTGkTGAAA	AGCTTCCCAA	TGTTGGTGaT	TGaTTTTTTT	AAATGkTAAA	AAATCATCCy	1920
10	TTGTTGCTTT	ATGATTAAAA	ACATTCGCCA	TATAGTGAAn	CGCCCATTCT	TCTGcATCAT	1980
	AAAAATCAAC	AATTGTATCA	TCAAAGTCTA	TCAAAATATT	TTTATATCCC	AATTTCCCCA	2040
	TCTCCTATAT	TGTCTATGTA	TCTAAATCTT	AACAGAGGCT	CAAATTTCTG	CAAATAAAAT	2100
15	AAACTGAGTG	CATAACATTA	AAGTATGCTC	ACCCAGTTTA	TTTTAAAGAA	TATTAGTTAT	2160
	TATATTAGAA	TCCAAATAAT	TTACCTAGTA	AACCCACACC	GTTAGCAACG	ATGTCTACGA	2220
20	TACTTG TGCC	TAATTT CACA	CTATCATGTT	GTTGTGCAGC	TTGCACAGTA	TTTGCGATTG	2280
	CTTCTGCTAG	TCCAGTCATT	TAAATCTCTC	CCTCACCTTT	GAAATAATAC	TGATTACTTA	2340
	CATAACATAT	TGAAATTAGA	ATCCGAATAA	TTTACCTAAT	AAACCTACGC	CATTTTCAAC	2400
25	GATGCTCACA	ATGCTTGTGC	CTAATTTTGC	GCCATCATTA	TTAATTGCTG	CAGTTACGGT	2460
	ATCTTTAATT	GCGTTAAATA	AACCTTCCAT	TGAAAACACT	CCTTAAAAAT	TAAATTTGAA	2520
	GATAACAAAA	ACGTGCGTAg	yTTTTAAATC	ACCGAAATGT	TATTCGCTTA	ACGTTTTGTT	2580
30	GTTGTTATTT	TAAAATAAAT	TTGATGCAAT	TAGTTTGTTT	ATCCGCACAA	CATCTTATAA	2640
	TGTACTTAAC	TGTATTTTAA	AGAGAAAAGA	AATACAGTTA	GGCATTCAAA	ACTGTATTTA	2700
	ACACAATTAA	GTTGCCTGAA	TTCGTATTTA	AGTCTTATTG	AACCTTTTTA	GATAAATAGC	2760
35	TCTATAATAG	TGAAAAATAT	AAACATTTTT	TATTTACAAG	GTATTGCTAA	TTTAAGTTCA	2820
	TTTAGATATA	ATAATTCTTG	TGTTGTAAAA	CGTGTCTG	TAGCTCAGCT	GGATAGAGCA	2880
	ATGGCCTTCT	AAGCCATCGG	TCGGGGGTTT	GAATCCCTCC	CAGGACGTTT	ATAGGTATTT	2940
40	TTATACGCAT	TACCAAACAA	AAGAGTTCCG	TGATTACGGG	GCTCTTTTTG	TTTTGAATTT	3000
	CAGTAATATA	GTATGATGCG	TCACCAAAAC	GTCCCCCGCA	TAAGCCCCGA	AAATACAGTA	3060
45	ATTAAAACAA	GCATGCTTAT	TCGTTATAGA	ATTTTTTGAC	ACACAATTGA	CACGCGTCTG	3120
	ACACTTGTTT	ATACATTTTT	AATTAAGTAA	TTTTGTGCTC	AAATTTTCATC	TATACTGCAC	3180
	CTGAACTACA	CCAACACTAC	ACCAAGATTT	TTAACACTCA	CCATTTGCAT	GCGTAGAGAT	3240
50	TTTTATTATT	ATATTATTCC	TATAGATTTT	GATACTATTG	AAAATTTTAG	GGACTTTTCA	3300
	GGGGCCCCGAA	ATCCTATAAT	TATAATTATA	TACATCTAAA	AAAAATAACC	ACGTCCATCG	3360

55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 453:

	TCTCCAGTAG ACCTTGTGTA TGAACAGTTT CTTTCATATG AATGAACATC GTTTTTTAAAG	60
10	TTTGTGTTCAA CTCAGCCTTA TCAGGATAAT ATCTAGAGAC AGTCGTCTCT GGCATCTCCA	120
	TTGTATGATA TTTAACCTTA TGCAGCGACC CATGATTTTC GTTATAAACA AATGTATGAT	180
	TCAC TTCATC GAAATCATGA TCTTCTCCTG CAATCCAAAA AACTGGTACT ACTTGTGCT	240
15	TATGTGTATC CGTTAATTCC TTAGATAAAG TAATGATTGa AAATATTTTA TGAATGTAT	300
	ACAATGGTCC CCCGAAAAGC CCTGCTTGTT GTCCACCAAT CACAACTTTT GAACCATTAG	360
	CTAAATGTTG TATGTTTAAT TCTTGTTTAC TTGAAAGCTT GAAAGCTTTA AATCACTCAT	420
20	ATAATTCACGA ATAACATTCC CTAATGCCGC TTCTCTTCCA TTATTTTCTT TAGACATCCT	480
	TTTTTCAAAA CTAGTTTGTT GAGCTGCATC ATATTGAAAT AATCCTGTTA TTACAGGGTC	540
25	ACTGCTCTTT ATTTTGGTA TAACTGATC TTTTTCATTT AAATAACTA CTTTACAGTC	600
	CATGTTTTTT CTCCTTAAGT ACGCGATTAC AAATATAGT ATAAAGTCTA TACCGGTGAT	660
	TGACAATTTT ACGGCTTGAA AATCAATTTA ATCATGGAAA ATTTATAATA TTCATTGTTT	720
30	TACATTTTCA AATCAATGAA AAACACAAGT GGTTTAATGT ATAATAATAG TAGTAAACAA	780
	ATAAGGGGTA GATAAATATG AGTGAAATCA AACGCTTGA AATTAATTAC AAAACTGACG	840
	AATTATTCGA AAATTTAGA GCGTTTGGCA ACAAAGACTT ATACATGGTC AATGAGTTAA	900
35	ACGGTCAAAT GATTGATGCA AGTTCAGATT CACCATTTTA TGGCATATTT GTCGaGATCA	960
	ATTAGGAGCT AGAATGGCAT TACTAAAAAA AGGTGATGTC GAAGAAATCT ACTTCCCAGA	1020
	TTTTGAAGAT TATATATTAT TATGGAAGTT AGAAGTATTA CCAAATATC AAAACAGAGG	1080
40	GTACGCTTCA GAATTGATTG ATTTTGCAAA GAGTTTCAAT ATGCCAATTA AAGCCATTGG	1140
	CAGAAATGAT TCTAAGGATT TCTTTTTACA TCATGGATTT ACAGATGTGG AAGCTAAAAA	1200
	TATAGAGGGA CATGATGTCT TATTGTGGAA ACCATAAGAT AATAATATTC GACACTACGA	1260
45	GCGTAAAAAT GCATCTTTTC GTAGTGCTTT TTTTACAATT ACTTTCTTAA GCTAATATAA	1320
	GTaAATCATT TTCAAATTAT TTGTCTTAAC GTACAATATC ATTTAGTTGT TTCCATGrAT	1380
	TAATTTTATA ATCAGGTATA ATTCTGGAT TATGATCAAA TCCTCTAAAa TTAAACCAGC	1440
50	AAGTAGCTAT ACCcGCATTG ATTCCACCTA GAATGTCAGA TGTTAnAGAA TCTCCaACTA	1500
	TAATCGAGTG CTGtCTTTCA TCCTCACCAA TATCATTAaA AACATAATTA AAAAATTCCG	1560

55

AATGCGTCTT TTGAAAAATG GTCATTAAAG GCATCAGATT GCTTAAAGTC TTCGTATGCA 420  
 TGTCGATCAG CAAATCCGAA ATAAATTTTG TATGTTGTAC CTTTAGCAGG TCTTAACAAA 480  
 5 CGATAGCTTT TAAAGCCACC AAAGTTTCTG AAATTATCGT CTACACTAAT CAGTTTCTTT 540  
 TCAAGTTGAT ATGCATGATC TTCTGTTGAT GGaATGAaG TTGCACaATA GAAATGaTGT 600  
 TCACTGAATT CACCAA 616

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 452:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 944 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 452:

GCACGAGTGA TTAAACGGTT AATCAATGAA ACATTTGATG CAAATTACAT TGAAGTTATT 60  
 GAGGGAGGAA TTGAAGAAAC GCAAACGTTA ATTCACCTAC CTTTGGACTA TGTCTTCTTT 120  
 25 ACAGGAAGTG nAAATGTAGG CAAAATCGTT TATCAAGCTG CCAGCGAAAA TTTAGTTCCT 180  
 GTGACATTAG AAATGGGCGG TAAAtCTCCa GTCaTCGtTG ATGAAACAGC GAATATTAAA 240  
 gTTGCTAGTG AGCGCATTTG TTTTGGGAAA TTCACTAATG CCgGCCaAAC ATGTGTTGCa 300  
 30 CCAGATTACA TTTTAGTACA CGAATCTGTA AAAGATGATT TAATCACAGC CCTATCAAAA 360  
 ACGTTGCGTG AATTTTATGG TCAAAATATA CAACAAAGTC CAGATTATGG CCGCATTGTA 420  
 AACCTTAAAC ATTATCATCG TCTGACTTCA TTACTTAACA GTGCACAAAT GAATATTGTA 480  
 35 TTTGGTGGTC ATAGTGATGA GGATGAACGT TATATAGAAC CAACATTGTT AGATCACGTT 540  
 ACAAGTGATT CAGCAATTAT GCAAGAAGAA ATTTTGGTGC CTATCTTACC GATTTTAACG 600  
 TATCAGTCAT TGGATGAAGC AATAGCCTTT ATTCACCAAA GACCAAAACC TTTGAGTTTA 660  
 40 TATTTATTTA GCGAAGATGA AAATGCTACA CAACGTGTAA TAAACGAGCT ATCATTGCGC 720  
 GGCGGCGCTA TTAATGATAC ATTGATGCAC CTAGCGAATC CTAAATTACC ATTTGGTGGT 780  
 GTTGGTGCCT CAGGTATGGG ACGCTATCAT GGTAAATATT CATTGACAC TTTTACACAT 840  
 45 GAAAAAAGCT ACATTTTCAA ATCnACACGA TTAGAATCAG GTGTCCATTT ACCACCATAT 900  
 AAAGGTAAAT TTAAATrCAT CAAAGCTTtC tTTAAAnATT AATT 944

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 453:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4820 base pairs

	CAGCAATATC TATTTGATTG ATTGCTGCAA CAACCTGTTC GTAATGAAAT ATATCACACT	840
	GAATCCAAGT CATTTCAACA TCATCTGTTT kTTTATTGTC TGGATATTTT GATATAGCAA	900
5	AAAGTTCAGC ATCATTITTC ATCACTTCAC TTAAATACTT ACCAATATAT CCTGTTCCAC	960
	CTGCTAATAA AACTTTAGGT TTCATCTAAA ATACTCCTTT AACTGTAAAC CAAAAACAT	1020
	ATTACTCCAC CTTTTAGTTA CATATATATT ATAATAGTAG CAAATGTTTT AAAATTTCAA	1080
10	AATACTGGAG GCTTTTTATG GCCCATATTA TACGTAGAGT TAGTATCAA GATGTAGAAA	1140
	ATTTCAITTC AATGTTAGCG AACATATACG ACGAATCTCC GTATATGTTC TACACACCAG	1200
	GAGAATATGA TCCTAGCGTC ACATCGGCTA GTAAACAATT AGAAGAATAT ATCACTTCTC	1260
15	CGCATAAAGT CATCTTCGTT GCTGAAAGTG ATGAACAACCT CGTTGGCTTT GCCTTTGTTA	1320
	ATACGACACC ATTTCAACGC ATTAAACATG TTGCTAAAAT TGATTTAGGT GTAAAGAAAT	1380
	TATATCAACA TCGTGGAATT GGCCAAGCAC TTCTTGATGC CATTATGGCT TGGTGTITAA	1440
20	ACAATCAAAT ACACCGAATT GAAGCAAATG TACCACTCAA TAACCAACCT GCCCTCGAGC	1500
	TTTTTAAAAG TGCCGATTTT CAAATCGAAG GCGTTTTAAA AGATAAGTTA TTTATCGATG	1560
25	GTAAATATTA TGATGACTAT ATGATGGCTA AAATTCITTA TTAAAGCTAT TTTATCATAA	1620
	TCTTGATCA GAATCGTATA ACAACGAATT TAATGGTTAC CTAATACATT ACTCATACTT	1680
	ATCAATGTTA TCTAATCTCA AATAAATACG TACACTCTTA TTCATTTATC AAATTTAAAT	1740
30	TCAAATANA ACACCACTAA TGTGTAATTG ATTAACATC AACTACGATT AGTGGTGCTT	1800
	TATATATGTG GTTAGTTTTT CTnACTA	1827

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 451:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 616 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 451:

45	ATATAGATTA ATGTTTGTTA TTTGTACTGT GTTGCCAGT GACATTTATT ATAAAACATA	60
	TGACGTTATT CTATGKTGTA CTCATTTCTT ATATTGTAGG TTTATTAACG ATTAGAAGTA	120
	TTATTAAAAA GTTGAAATAT CAGGAAACAT TATTACGAGA CTAAAAAACT TCCATTGGCA	180
50	TGTATGTTGT AAAGGTGCAT GTAATGTTGA ACGCCAAATG ATACGGCGTT CAGATTACAT	240
	TAGCATCTAT ACGTTAACAG CATAACCAAT GGAAGTTTTC TTCGAATCTA TTCTTTTATT	300

55

TCGTAACATT ACGACAGGGG AAATTAATGA GCAAAGTAAA TTTAGAATTG CATTAAGAGA 960  
 AGCAGGAAGT GGTGTATTAT CGGGTGTGTG ATGTTCAACA ATATTATTTA CAATTATTGT 1020  
 5 TGCAATATAT CATCAGCCAC TTTTAGCATT AATCGTTGCA GGAAGTTTAA CTTGTGCGAT 1080  
 GACGGTGGGG ACGTTTGTAG GTTCGATGAT TCCATTATTG ATGAATAAAT TAAATATCGA 1140  
 TCCAGCAGTG GCTAGTGGAC CATTTATTAC AACAAATTAAT GATATTATTA GTATGTTGAT 1200  
 10 TTATTTTGGT TTAGCTACAT CATTTATGGC TTACTTAATT TAAGGAGGAG TTATGGAGTT 1260  
 TTTATCTTTA GTTATTGTTG TTTTAGCAGC GTTTTAACT CCAATAATTG TCAATCGATT 1320  
 AAATATTAAT TTCTTGCCAG TTGTTGTTGC AGAAATTTTG ATGGGGATTG TGATTGGAAA 1380  
 15 TTCATTTCTA AATATAGTAG AAAGGGATTC AATTCTAAAT ATTTTATCAA CGTTAGGCTT 1440  
 TATCTTTTTA ATGTTTTTAA GTGGTTTAGA AATTGATTTT AAAGCTTTTA AAAAAGATAA 1500  
 ACGCGCACGT CAAGGACAAA ATGATGATG 1529

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 450:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1827 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 450:

TTCTGGAAC CAAAGTATTG TCATCTTCTA CTAGTAGTAT nGGCATCCAT ATCACCCAAT 60  
 ATCATTTAGT ATATTTTATA TTTTCTCCTG ATTTTAATCG ACTTTGAAAA TCTTTAATCC 120  
 35 GGCAGTCAAC TTCAAAGCCA TGAATCATCA TTTTTGCGAT TGGTGCTTGT ATAAAGTAAT 180  
 AAATCGGCCA AAATAATCGA GGGATATAAT CGTATAGATG TATATAAACG ACTGCCGACT 240  
 CTTTGATTAA TCTAAATTCT AACTTCCCTT GATTAAGTGT ATATTTTTTC ACTAAACTTC 300  
 40 CACTCAATAA AATTAAAGTT ATTATTCCAT CAGCTGTTTC TTCTATTTTA AATACTGCGA 360  
 GCGGTCGCAC CTTATTCTTA ATATATATCT TAAATTGATC ATGTGATTTT TCTGTTTTCA 420  
 CAAAAGTTCC TTTAGTGTA CCCATCCATG CAATAAAATG GTTTACAACG TTCTTTAATG 480  
 45 TCCATCCCTT TGGTAAAACT ACCTTCATCG TTGATCTAAC ATCATCATAC TTTGAAACTT 540  
 GTAATTCTAC ATTAATAAA GAACGTTTAA AAATAAATT TGTTGTTTCT ACAGGTGTAC 600  
 50 CATATGCACC TAGGCGTTCA ATTGTTTCAT TATCATAACG ACTCCCAGGT ATGTAGATTA 660  
 CTTTTTTTAC TTGATTGATA GCCGCTGCTC GACCAAAATT ATCTGCTGCG ATTAATGTTA 720



	TATGGCTTGT ACCATGGAAA CCATACTTAC GAATGCCATA ATCTTTATAA TAATGATATG	900
	GCAAGCTATA TAGATATGCT TTTTCAGGCA TTGTTTGATG GAATGCTGTA TCAAAAATTG	960
5	CCACATGAGG GATATTTGGT AATAATTTAC GGAAAGCACG AATACCCAtC AAGTTaGCTG	1020
	GGTTGTGaAG CGGTGCTAAT TcGCTTAATT CTTCAATTTT CTTTTCAACC TCATCAGTAA	1080
	TAGCTACTGA TTCAGGGAAT TTTTCACCAC CATGTACAAC ACGGTGACCT GTTCCATCGA	1140
10	TATCGTTAAT ATCATTAAATA ATATTGTGCG CTTTAAAAGC ATCCAACATG ATATCAACTG	1200
	CCTCAACGTG ATCCTTGATA TCTTGACTG TTTTAACTTT TTCCCCGTTG ACTTCAATTG	1260
	TAAAAATTGA ATCCTTCAAT CCGATTCTTT CTAATAAACC TTTTGTTACT AATTCCTCTT	1320
15	CAGGCATTCT AATTAATTGA A	1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 449:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1529 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 449:

	TTTTGAAGAT ACTACCGATG AAAATAGACA AAAGATTTTT CAATATTTAT CACCTGAAGa	60
30	AGTTGCAAAT TTCTTTGATC AATTAGATAT TGATGACGAT GAATATGAGT TGCTATTTGA	120
	TAAGATGAAT GCGACATACG CAAGTCACAT ATTAGAAGAA ATGTCATACG ACAATGCAGT	180
	AGATATTTTA AATGAGTTGA CTAAACCAAA AGTTGCTAGT CTTTAAACAT TGATGAATAA	240
35	AGATGACGCG AATGAAATCA AAGCATTACT TCACTATGAT GAGGATACGG CCGGCGGTAT	300
	TATGACGACG GAgTATTTAT CACTTAAAGC GCATACGCCT GTTAAAGAAG CATTATTATT	360
40	GGTCAAAGCG CAaGCACCAG ACGCAGAAAC AATATATGTT ATATTTGTCG TTGATGATGA	420
	TGGTAAATTA GTAGGTGTTT TATCGCTAAG AGATTTAATT GTAGCTGAAA ATGATGCTTA	480
	TATTGAAGAT ATTATGAATG AACGTGTCAT TAGTGTGAAT GTAGCAGACG ACCAAGAAGA	540
45	TGTTGCTCAA GTTATGAGAG ACTATGATTT CATGGCTGTA CCTGTTATAG ATTACCAAGA	600
	ACATTTGCTT GGTATCATCA CGATTGATGA TATTTTAGAC GTTATGGATG AAGAGGCTAG	660
	TGAAGACTAC TCTCGTTTAG CCGGGGTATC AGATATCGAT TCGACTAATG ATTCAATCAT	720
50	TAAAACAGCA TTAAAACGTT TACCATGGTT GATTATTTTA ACATTTTATG GAATGATTAC	780
	TGCGACAATT TTAGGGAGAT TCGAAAAAAC ATTAGAAAAT GTAGCGCTAC TCGCAGCGTT	840

TAAATTTTAA TACTGCGGGG TGTCTTAAAA TGCACATTTT AGTAACAGGG TTTGCGCCTT 1260  
 TTGACAATCA AAATATCAAT CCCTCATGGG AAGCTGTGAC TCAACTAGAA GATATTATTG 1320  
 5 GCACACATAC AATCGATAAA TTAAAACTAC CAACCTCTTT TAAGAAAGTA GATAATATTA 1380  
 TAAATAAAAC GTTGGCATCT AATCATTATG ATGTTGTACT AGCTATAGGA CAAGCTGGTG 1440  
 GTAGAAATGC CATTACCCCA GAACGTGTGCG CCATTAAATAT TGATGATGCA CGTATTCCAG 1500  
 10 ATAATGATGA TTTTCAACCT ATTGATCAAG CCATTCACTT AGACGGTGCG CCAGCTTATT 1560  
 TTTCAAATTT ACCaGTTAAA GCAATGACTC AAAGTATTAT TAATCAAGGA CTTCTGGAG 1620  
 CACTTTCAAA TAGCGCAGGT ACATTTGTTT GTAATCACAC ACTTTATcAC TTAGGTTATT 1680  
 15 TACAAGATAA GCATTACCT CACCTACGAT TCGGATTAT TCaTGTGCCA TACATACCAG 1740  
 AGCAGGTcAT TGGTAAACCC GATACACCAT CTCATGnCCA TTGAGGAAAA GATnAGTTG 1799

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 448:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1341 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 448:

30 ACTTGGTTTT TTATTGTTTA TAAATAAAAC TCACTTAATA ATGTTTTTCAT AATCTTCTTC 60  
 GACTACTTAA TTCTTTAAGA TATTCGTGAA AAGAGACATT ACACTAGTTA ATTTTCAAAC 120  
 AATACAAAAA GCGTCTACCT CCTACATATA ATTGTAGCGG AGATAGACGC TTAATATTTA 180  
 35 TTTAAAAATT ATTTTAAACC ACCGAATGTC ATAACATCAC GGGCAATCAT ACTTTCTTCA 240  
 TCTGTTGGAA TAACGACAAC TTAACTGGT GAATGAGGAT AGTTAATAAA TCCTTCTTTA 300  
 CCACGTAGTA AGTTTTTCATT TTTCTTAGGA TCCCAGTAAA CACCCATAAA TTCTAAGCCT 360  
 40 TCAAGAACTT TCGCACGAAT TTCTACTGAG TTTTCACCGA TACCTGCTGT AAATACGATA 420  
 ACATCAACAC CATGCATTCT CGCAGCATAT GATCCAATAT ATTTGTGAAT TTTAGAAGCA 480  
 AATACATCTA AAGCCATTTG TGAACGTGCT TTACCTGATT CAGCTTCTTC TGATAAGTCA 540  
 CGTAAATCAC TAGATGTACC TGATAATCCT AATAAACCTG ATTCTTTGTT TAAGATTTCC 600  
 AATACTTGTT CAGCAGTTT ACCTGTTTTT TCCATAATAA ATGGAATTAA AGCAGGGTCA 660  
 50 ATATTACCAG AACGAGTACC CATTGTTACA CCAGCAAGTG GTGTGAAGCC aTTGATGTAT 720  
 CAATAGATTT ACCGCCATCG ATAGCTGCAA TTGATGCTCC ATTACCAATG TGACATGAAA 780

TTATGCAGAT TTAACAATCA TTGATTTAGA TAGTGAACAA GAAATTAAAG GAGAAGATTT 1380  
 CTTATCAAAA GCAGATAATA CACCATTTAT CGGCTATAAA GTTTATGGAA ATCCGATCTT 1440  
 5 AACAAATGGTT GAAGGCGAAG TTAAATTTGa GGGGGATAAA TaTATGCAA gCAAACGTTA 1500  
 TCTAGTGTTA GAAGACGGTC TTTTACGAGG CTACCGTTAG GTCTGATAAC TTA CTGA 1557

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 447:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1799 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 447:

20 GCTAGAAATm TTGmATGaCA ATACAACCTCT GTTAAaATGA TGGACGTAGA CAAATATGCG 60  
 TATTGACGCT TTATTTTAAa AATTaACATG CTTATAACAT GTTTATAGAA GGAGATTAAC 120  
 CTATGAACTA TCaAGTTCTT TTATATTATA AATATATGAC GATTGATGAC CtGAACAGTT 180  
 25 TGCTCAGGAT CACTTAGCCT TTTGTAAAGC ACACCATTTA AAAGGTAGAA TTCTTGTTTC 240  
 TACAGAAGGT ATTAACGGCA CATTATCTGG TACAAAAGAA GAAACCGAAC AATATATGGC 300  
 ACATATGCAT GCCGATGAAC GATTCAAAGA TATGGTGTTT AAAATTGATG AAGCTGAAGG 360  
 30 ACATGCTTTT AAGAAAATGC ATGTACGTCC TCGAAAAGAA ATCGTTGCTT TAGATTTAGA 420  
 AGATGACGTC GATCCAAGAC ACACAACCTGG CCAATATTTA TCACCTGTAG AATTTAGAAA 480  
 AGCTCTTGAA GATGATGACA CAGTCATTAT TGATGCACGT AATGATTATG AATTTGATTT 540  
 35 AGGTCATTTT CGAGGTGCAA TTCGTCCAAA TATCACACGT TTTAGAGATT TGCCTGACTG 600  
 GATTAAAGAG AATAAAGCGT TATTTGCAGA TAAAAAAGTG GTTACGTACT GTACTGGTGG 660  
 CATTGATGC GAAAAATTTT CTGGATGGCT TTTAAAAGAA GGTTCGAAG ATGTAGCTCA 720  
 40 ACTTCATGGC GGTATTGCTA CATATGGTAA AGATCCTGAA ACAAAGGTG AATATTGGGA 780  
 CGGTAAAATG TACGTATTTG ATGACCGTAT CAGTGTTGAT ATCAACCAAG TTGAAAAnAC 840  
 AATTATTGGT AAGGATTGGT TTGATGGCAA ACCATGTGAA CGTTATATTA ATTGCGCTAA 900  
 45 CCCAGAATGT AATAACAAA TATTAGTTTC TGAAGAAAAC GAAACTAAAT ATTTAGGTGC 960  
 ATGCTCTTAT GAATGTGCTA AACATGAGCG TAATCGTTAT GTTCAAGCAA ATAATATTAG 1020  
 50 TGATAATGAG TGGCAACAAC GTTTAACAAA CTTTGATGAT TTACATCAAC ATGCTTAGTT 1080  
 TTAATTAAAT ACCTTTCAAA ACACGCTTTG AAAATCCGAT TTATAAAGGT TTTTCAAGGC 1140

CmTyCAAaRG AcACaGACAT TACTAGCCAA CGATTTAGCT ATnACTCCAA ACCTTCCATT 2160  
GGATTTGGTA AAGGnT 2176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 446:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1557 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 446:

AAAAGCATGG CTTAAATGAA GTACGCTATA ACAAATTACA AGAACATGCT ATTGTTATGC 60  
ATCCGGCACC TGTGAATAGA GGAGTAGAAA TACAAAGCGA TTTAGTAGAA GCTTCAAAT 120  
CAAGAATTTT TAAGCAAATG GAAATGGCG TTTACTTAAG AATGGCAGTC ATTGATGAAT 180  
TATTAAAATA GGTAAGGGGA CGAAAATGAT GAAATTAATT AAAAAACGGTA AAGTATTACA 240  
AAATGGCGAA TTACAACAAG CAGATATTTT AATTGATGGT AAGGTAATTA AACAAATTGC 300  
ACCTGCAATT GAACCAAGCA ATGCTGTTGA CATCATAGAT GCGAAAGGTC ACTTTGTGTC 360  
ACCTGGATTT GTCGATGTTT ATGTTCAATT ACGTGAACCT GGTGGTGAAT ATAAAGAGAC 420  
AATTGAACT GGTACTAAAG CTGCTGCTAG AGGCGGATTT ACAACTGTAT GTCCAATGCC 480  
TAACACAAGA CCGGTACCAG ATTCTGTAGA ACATTTTGAA GCTTTACAAA AATTAATCGA 540  
TGACAATGCT CAAGTACGTG TATTACCTTA TGCTTCAATT ACAACACGTC AATTAGGTAA 600  
AGAATTGGTT GATTTCCCAG CACTAGTAAA AGAAGGTGCC TTTGCGTTTA CAGATGACGG 660  
TGTAGGAGTA CAACTGCAA GCATGATGTA TGAAGGCATG ATTGAAGCTG CAAAAGTAAA 720  
CAAAGCCATC GTAGCACACT GTGAAGATAA TTCATTAATC TATGGTGGTG CAATGCATGA 780  
AGGGAAACGC AGTAAAGAGT TAGGTATACC AGGTATTCCA AACATTTGTG AATCTGTTCA 840  
AATCGCAAGA GATGTACTAT TaGCTGAAGC AGCAGGTTGT CATTATCATG TATGTCATGT 900  
TTCTACTAAA GAAAGTGTTA GAGTCATTCTG TGACGCTAAA CGCGCAGGCA TTCATGTTAC 960  
AGCTGAAGTT ACACCACACC ATTTATTGTT AACAGAAGAT GATATTCCTG GTAATAATGC 1020  
CATTTATAAA ATGAATCCAC CATTGAGAAG TACTGAAGAT AGAGAGGCTT TGTTAGAAGG 1080  
GTTACTAGAC GGTACAATTG ACTGTATCGC AACAGAcCAT GCACCACATG CACGTGATGA 1140  
AAAAGCACAA CCAATGGAAA AAGCaCCATT CGGAATTGTT GGTAGTGAAA CAGCATTCCC 1200  
ATTATTATAT ACGCATTTTG TAAAAAATGG TGATTGGACA TTACAACAAT TAGTAGATTA 1260

	AAGTATTACA TCTAAAAGGT ATCACAGAAG AACACGTAA CCAATACATC AAAACATTAC	360
	GCGAACACCC AGAACGTGCA CAAGAAGTAT TCTCTGAATC ACTTAAAGAC AGCAAGAnCC	420
5	CAGACCGACG TGTTGCACAA CAAAACGCTT TTTACAATGT TCTTAAAAAT GATAACTTAA	480
	CTGAACAAGA AAAAAATAAT TACATTGCAC AAATTAAAGA AAACCCTGAT AGaAGCCAAC	540
	AAGTTTGGGT AGAATCAGTA CAATCTTCTA AAGCTAAAGA ACGTCAAAAT ATTGAAAAATG	600
10	CGGATAAAGC AATTAAAGAT TTCCAAGATA ACAAAGCACC ACACGATAAA TCAGCAGCAT	660
	ATGAAGCTAA CTCAAAATTA CnTAAAGATT TACGTGATAA AAACAACCGC TTTGTAGAAA	720
15	AAGTTTCAAT TGAAAArGCA ATCGTTCGTC ATGATGAGCG TGTGAAATCA GCAAATGATG	780
	CAATCTCAAA ATTAAATGAA AAAGATTCAA TTGAAAACAG ACGTTTAGCA CAACGTGAAG	840
	TTAACAAAGC ACCTATGGAT GTAAAAGAGC ATTTACAGAA ACAATTAGAC GCATTAGTTG	900
20	CTCAAAAAGA TGCTGAAAAG AAAGTGGCGC CAAAAGTTGA GGCTCCTCAA ATTCAATCAC	960
	CACAAATTGA AAAACCTAAA GTAGAATCAC CAAAAGTTGA AGTCCCTCAA ATTCAATCAC	1020
	CAAAAGTTGA GGTTCCCTCAA TCTAAATTAT TAGGTTACTA CCAATCATTAA AAAGATTCAAT	1080
25	TTAACTATGG TTACAAGTAT TTAACAGATA CTTATAAAAG CTATAAAGAAa AAATATGATA	1140
	CAGCAAAGTA CTACTATAAT ACGTACTATA AATACCAAGG TGCGATTGAT CAAACAGTAT	1200
30	TAACAGTACT AGGTAGTGGT TCTAAATCTT ACATCCAACC ATTGAAAGTT GATGATAAAA	1260
	ACGGCTACTT AGCTAAATCA TATGCACAAG TAAGAACTA TGTAAGTGA TCAATCAATA	1320
	CTGGTAAAGT ATTATATACT TTCTACCAA ACCCAACATT AGTAAAAACA GCTATTAAAG	1380
35	CTCAAGAAAC TGCATCATCA ATCAAAAATA CATTAAGTAA TTTATTATCA TTCTGGAAAT	1440
	AATCAATCAA AAATATCTTC TCTAGTTTTA CATCATTTTT TAAATAATTT TCGTAACAAA	1500
	CCGTGATTAA AAAGAACCGT TGATTCTCAA TCGAATCTAC GGTTCTTTTT TCATTTTCCA	1560
40	TCAATTAAAT GCTTCTTCGC TATTTGTCAG CCCACTTTTT TACCTGCAAC TTGTTAAATA	1620
	ATCCTTACAT CGTTAACGAA TAGTTCATCA TTTAGTTGAA TCAGCTCAAC TTTATTAAT	1680
	TCATATTTTC ACAAACATATT GCGCAATCCA TTCCTTTTCC ACTACAAGCA CCATAATTAA	1740
45	ACAACAATTC AATAAAATAA GACTTGCAAA GCATAGTTAT GTAGCTATAT AAACGCCTGC	1800
	GACCAATAAA TCTTTTAAAC ATAACATAAT GCAAAAACAT CATTTAACAA TGCTAAAAAT	1860
50	GTCTCTTCAA TACATGTTGA TAGTAATTAA CTTTTAACGA ACAGTTAATT CGAAAACGCT	1920
	TACAAATGGA TTATTATATA TATGAACTTA AAATTAAATA GAAAGAAAGT GATTTCATG	1980
55	ATTAAAAACA AAATATTAAC AGCAACTTTA GCAGTTGGTT TAATAGCCCC TTTAGCCAAT	2040

TTTGTAATCT TTTTAACTTC CAAATTaTCG CATATAAATA TGCTATATTA ATGATAATAA 10440  
 TTATCAATTA AAAGGAGGTT ATGCTATGTC TAAAGAAGCT GGTCATACAT TTTTAGCTAA 10500  
 5 ATTAGGAAAA ACTCGTCTAC GCCCCGGTGG TAAAGAAGCA ACAGATTGGT TAATACAACA 10560  
 AGGGGCATT TCACAAGATA AACAAAGTGT AGAAGTGGCA TGTAATATGT GCACAACATC 10620  
 TATTTATCTA GCTCATA CAT ATGGCTGTCA CATTCAAGGC GTTGATATAA ATAAGAAAGC 10680  
 10 ATTAGAAAAA GCACAGGAAA ACATTTTCAGC AGCAGGTCTT GAATCATATA TTCAAGTTCA 10740  
 ACAAGCGAAT GCTGTAAAT TGCCCTTTGA TGACAATCAA TTCGATATCG TTTTAAATGA 10800  
 AGCAATGTTA ACAATGTAC CCATCGCCAT AAAGGAAAA GCATTACGCG AGTACTACCG 10860  
 15 AGTCTTAAAG CCTGGGGGTA TCTTGTTAAC ACATGATATT GTCATCGTTA ATGAATCACA 10920  
 TGCCACACAT GTTGTTAAAT CATTATCTGC AGCAATTAAT GTCAATGTCT CACCGCAGAC 10980  
 20 GAAACTTGGC TGGTTAGATT TATATAATCA AGCTGGTTTT AATCATGTGC ATTATCATAC 11040  
 TGGTCCAATG AGTTTAATGA CACCAAAGG TTTAATTTAT GACGAAGGTA TTGTTGGAAC 11100  
 TATAAAGATT ATCAACAATG CTTTGAAAA AGAAAATCGA CCAATGTTTT GTAAAATGTT 11160  
 25 TAAAACGATG ACTAAATGCT GTAAAGATAT GAATTATATT ACTTTTGTCT CTAAAAAGA 11220  
 GCACTAAATA TAATGCCACT AACTGTACTT TGTATCTATG TTTGACTATC ACTTTAATTT 11280  
 CTTTGTGACA CTAATCATCT ACTTAACAAT ATCGTTATCG TTGATTAGTA AGTCATCAAT 11340  
 30 TTTGGTTAAA GACTTTCATA AACACTCAA CATTAACT ATACATAGTT AGTGGcATTA 11400  
 TTTTTTyCTn AAAATTTTAA CmTcMCGGGr TtGGGAmCrG AAaTGrtAwT TcGCrmAAaT 11460  
 35 TAwTcT 11466

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 445:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2176 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 445:

TTACATAGTT AACACTAGTT AATCTATTAG TTAACATTAG TTAATAATTA GTTAATTTCC 60  
 ATTTGTATT TCATGTGATA AATTCTAAAA GCATACaATA AATTTAATAT GTAAAAAGAA 120  
 50 AGGGAATACA CATGAAAAAT AAATATATCT CGAAGTTGCT AGTTGGGGCA GCAACAATTA 180  
 CGTTAGCTAC AATGATTTC AATGGGGAAG CAAAAGCGAG TGAAAACACG CAACAACTT 240

## EP 0 786 519 A2

	AGCAGAGAAT CCATTCCGTA ATAAAATTAC GTGGTTACAA ATTATTTTCAG GTTTCTTCTT	8640
	TGCATTTGGT GCTTTAACAT ATCTTATTTT AGCACAACT AATATGAATG GTTTAGCAAC	8700
5	TGGATTTATT CTTTCTCAAA CATCCGTTGT GCTTGCTACA TTAAGTGGTA TTTATTTCTT	8760
	AAAACAACAT AAAACGTCAA AAGAAATGGT TATTACAATC ATCGGCTTAG TACTCATTTT	8820
10	AGTAGCCGCT TCTGTTACAG TATTTATAAA ATAAGGAGTG TAGATGTCAT GAAAAAATCA	8880
	GCTGTTTTAA ATGAACATAT TTCAAAAGCA ATCGCGACAA TTGGTCATTT TGATTTATTA	8940
	ACGATTAATG ACGCTGGCAT GCCAATTCCA AATGATCATC GTCGTATCGA CCTAGCTGTA	9000
15	ACTAAAAACT TACCACGCTT TATTGATGTC TTAGCTACAG TGTTAGAAGA AATGGAAATC	9060
	CAAAAAATAT ACTTAGCAGA AGAAATAAAA GAACATAACC CTACACAATT GCAACAAATT	9120
	AAACAATTGA TTTCATCGGA AATCGAAATC ATTTTCATTC CTCACGAAGA AATGAAAAGT	9180
20	AACTTAGCTC ACCCATTTAA TAAAGGTAAT ATTCGTACTG GTGAAACAA CCCCCTACTCT	9240
	AATATTGCAT TAGAATCGAA TGTTACTTTT TAAAAGTTAT AACTTGAAAG GAGCGTACAC	9300
25	ATGACCAACA AAGTTGTTAT TTTAGGTTCA ACGAATGTCG ATCAATTTTT AACAGTTGAA	9360
	AGATATGCAC AACCAGGCGA AACATTACAT GTTGAAGAAG CACAAAAAGC ATTCGGCGGA	9420
	GGTAAAGGTG CCAACCAGGC TATTGCCACT GCACGCATGC AAGCAGACAC AACATTTATT	9480
30	ACTAAAATTG GCACTGATGG CGTTGCTGAT TTCATCTTAG AAGATTTTAA AGTAGCTCAT	9540
	ATTGATACAT CATATATTAT CAAAACAGCT GAAGCAAAAA CGGGCCAAGC CTTTATCACT	9600
	GTGAATGCAG AAGGACAAAA CACCATCTAT GTTTATGGTG GTGCGAATAT GACGATGACA	9660
35	CCTGAAGATG TTATTAACGC AAAAGACGCT ATAATCAATG CAGACTTTGT CGTTCACAA	9720
	TTAGAAGTAC CCATCCCGGC TATTATATCT GCATTTGAAA TTGCCAAGGC ACATGGTGTG	9780
	ACGACAGTAT TAAATCCTGC ACCAGCGAAA GCATTACCTA ATGAATTATT ATCATTAATC	9840
40	GATATTATTG TGCCAAACGA AACAGAAGCC GAATTGTTAT CTGGGATTAA AGTAACTAAT	9900
	GAACAATCTA TGAAAGACAA TGCCAATTAC TTTTATCTA TAGGCATTAA GACTGTTTTG	9960
45	ATTACGCTAG GTAAGCAAGG TACATATTTT GCTACTAAAA ATCAAAGCCA ACACATCGAA	10020
	GCTTATAAAG TAAATGCGAT TGATACAACT GCTGCAGGCG ACACATTTAT TGGTGCAATT	10080
	GTCAGTCGCT TAAACAAGTC GCAAGATAAC TTAGCAGATG CTATTGATTT TGGTAATAAA	10140
50	GCGAGCTCAC TCACTGTACA AAAACACGGC GCGCAAGCAT CTATTCCTCT ACTAGAAGAA	10200
	GTAAATCAAG TTTAAATGAA TCAAACACAG CTATGATATG AAGGTTTAGC ATATAACATG	10260
55	CAACATTCGT ATATCATGGC TGTGCTTTTT TATCTTTATA AAACATCATC TATTAGAAAT	10320

TGGTGTATCA GTTACAACGTG TGTCACATAT TTTAAATCAT AATGATAGTC GTTTTTCCGC 6840  
 AACAAACGATA AAAAACGTAC ATGCTGTTTC AGAACGTTTA GGCTATGCCC CTAATAAACA 6900  
 5 TGCAAAACAA TTGCGCGGCA GTAAAATTCA AACTATTGGC GTCATTTTGC CTAGCTTAAC 6960  
 AAATCCGTTT TTCTCAGCAC TGATGCAAAG TATTCATGAC CATAAACCAT CTGATGTTGA 7020  
 TTTATGCTTT TTAACATCTA CAGCAACTGA TTTGTATGAC AATATTAAAC ATTTAATTGA 7080  
 10 TCGAGGTATT GACGGATTAA TTATCGCACA ATACATATCA TCCCCGGACG CCCTAAATAA 7140  
 CTATCTAAAG AAACATCATG TACCTTATGT CGTACTGGAT CAAAATGACC ATCAAGGCTA 7200  
 TACAGATTTT GTTCGGACAA ATGAATATCA AGGTGGACAA CTTGCAGCAC AACATTTAAT 7260  
 15 AGAACTCGGT CACAACCATA TGATAATTGT TGCACCATAT GACATGATGG CGAATATGTC 7320  
 GACTCGTGTC GCTGGATTG TCGATACTTT GCGCGCGAAT CAATTGCCAG AACCACAAAT 7380  
 20 CGTCCATACT GAATTATCTA AGCGCGGTGG GCTAACCATT GTTGATGACA TCATGGTTCA 7440  
 ATCTGCCACT GCAATCTTCG CTATTAACGA TGAACGCT ATTGGCATT TACGAGGACT 7500  
 AATTGAACAT GGCATCAGTA TCCCGAAAGA TATCTCATT ATAGGTTATG ACGACATTGA 7560  
 25 TTATGCAGCG TACGTCTCGC CACCTTTAAC TACTGTGGCA CAACCTATAA CTGATATTGG 7620  
 CAAAACATCT TTAACCTTAT TACTTCAACG ATTACAGCAC TTAGATAAAT CCATTGATAT 7680  
 GATTGAATTA CCAACGACTT TAAAAATTCG TGCAACAACT GGCTATCATC TTTCAAAC TA 7740  
 30 ACTACGTATC TTCCGAAATA TACTCATCAT TGTTAGGCCC TTAGCGTTGC TTTAATGCTG 7800  
 AGGGTTTTTA ATCATAATTA TTTTACTAAG AAATTAAAT AATAATGTAT GAATTTTTTA 7860  
 ATATGATTTA AACGTTTTCA GTTTTTATGA AAACGCATGC ATTTTACAAA TAAAAATGGT 7920  
 35 ACGATGGCAC TGGTAAACG TTTTACTAAA AACAAATCAT GAGGTGTATA ACATGAGCAT 7980  
 TGTTCATTA CTTATCGGGT TAGGCCCCCTT AATTGGCTGG GGCTTCTTCC CAACAGTCGC 8040  
 40 TTCAAAGTTT GGTGGTAAAC CTGTACATCA AATTATCGGT GCTACTGTAG GTACGTTAAT 8100  
 CTTGCTATT TTATTAGCCG TAGTCACATC AAGTGGCTTC CCTACTGGAA CCAATTTGCT 8160  
 ATTCGCCTTA TTATCAGGTG CAGGATGGGG ATTCGGACAA ATCATTACAT TTAAAGCGTT 8220  
 45 CGAATTAGTC GGCTCATCTC GTGCCATGCC AGTCACAACA GCATTCCAAT TATTAGGCGC 8280  
 ATCTTTATGG GGTGTCTTTG CATTAGGAAA TTGGCCAGGC ATTGGTCATA AAATCATTGG 8340  
 ATTTACAGCT TTAGTCGTTA TTCTAATTGG AGCGCGTATG ACAGTTTGGA GTGAACGCAA 8400  
 50 AGAAGCAAGT AACGCCAAAA ATTTACGTCG TGCAGTGGTA CTTCTGTTAA TTGGTGAATT 8460  
 TGGATACTGG TTATATTGAG CTGCACCGCA AGCAACTTCT ATTGATGGCC TAACTGCCTT 8520

55



TCACAATATG TCATTGCAGT TATCATTGGT TTCGTCATAT GTGCGATAGG TAATGGTTTA 5040  
 GTCGCAACAC CTGGACTTAC GATTGCAATT TTCAGTATGC CTAATGAAAA AGTTGGTTTA 5100  
 5 GCTACAGGAT TATATAAAAT GAGTGGTACA TTAGGTGGCT CCTTTGGTAT AGCACTAAGT 5160  
 ACTACAGTTT TCAGTATGTT ACAACTAAAC TATGCACCAA GTGTAGCTGC AACCGTAACA 5220  
 TTTATAGTCA GCATTGTATT GATGATCCTT GGCTCATTGT CTGCATACAT GATCATTCCA 5280  
 10 AAAACAGTTA AATCTTAAAT ATAATAGAAG AATTATGTTT CGAAATATCT TTATCACTTT 5340  
 AAAATGATAT ACAAGAAATC CAAGAAAAAT AAGCGAACTG AATAAATAAA GATTCAATTA 5400  
 15 ACGCATCAGT ATTAGGATTC ACTCTAAAAC GATTAATAGT TTTATAAGAA GGTGTTTGAT 5460  
 CTTGAGCTAA CCACATCATT CGAATACTGT CATGAAGTAA TTTCTCTATT CTACGACCAG 5520  
 AAAATACAGA TTGAGTATAT GCATATAAGA TGATTTTAA CATCATCTTT GGATGATAGG 5580  
 20 ATGTTGCGcC ACGATGATGT CTGAATTCAT CGAATTTGCT ATCAGGTATC GTTTCACCAA 5640  
 TTTCAATTAAC ATGTCGCGAA ATATCATTTT GAGGAATTCT AACAGAAGTT TTTATTGGTA 5700  
 GTGTAAGTTG GGCAAAGTGT CTTATTTTTT TAAAGTATTT CAAAGTAAAA TTACATGTTA 5760  
 25 ATACGTAGTA TTAATGGCGA GACTCCTGAG GGAGCAGTGC CAGTCGAAGA CCGAGGCTGA 5820  
 GACGGCACCC TAGGAAAGCG AAGCCATTCA ATACGAAGTA TTGTATAAAT AGAGAACAGC 5880  
 AGTAAGATAT TTTCTAATTG AAAATTATCT TACTGCTGTT TTTTAGGGAT TTATGTCCCA 5940  
 30 GCCTCTTACT CTAATTATAT TCACTATCAA TTAGACAAAA TGGCCATTTT CAAATATCAC 6000  
 GCGTTGTTTC TGACCTTGAA TATATTTATT ATAATTCTCT TTTTGAAAAAT CAGTTAACAT 6060  
 35 TAATTTAGAT GTACCGTATT TTAACACTTT TTGCATTGTT TCTATTCTCA TTTTCTAAA 6120  
 TAACCATCCA TCTTTTAAAC CAATACGATT AACAGCATCA TATGATAATT CTACTGTTTC 6180  
 TTTAATTTCA AATGTCTTGA ATGAAATAAT CGTGCACATT AAAAACGTAT CACCAAAGTA 6240  
 40 ATAAACATCT AAATCATCAC GTTTATGTTG TCCAACAAAC AAACGACCAT ATTCGAACTC 6300  
 TTTTCTGGA TATTTCAATT CTAAAAAAT AATAATCTCT TCTTCTTTTA ATTTGAATTG 6360  
 CATTTAAAAA CATCCTCTCT TAAGTTTTAA CAAGCCTTAA TTAAAAATTT TTTCAATCAC 6420  
 45 ATAGTTCAAT ATACATCATT TCGTTATGTT TTTAATACT TTGTTCAAAA ACAAATATTT 6480  
 TATTCTTTAA AATAATGACT TTTGTATTTT TAATCACAAT AAACATTTTA AAATTCTTGT 6540  
 50 TATCATAATC ATTAAAAGGT ATTAACCTTA ATAATATATT CTCTCGTCTC AACCTTAATC 6600  
 GTATACTTCA GACGTCTGTT TGTAACAAT AAAAGTCATT CACGTCTTCA TATGTCATCA 6660  
 AATGTTTATC ATGATATGAT GAATATAATA ATCGGGTATA TAACTGTATG ATTAATTACA 6720

55

## EP 0 786 519 A2

CACCAATAGG ATTATCTTTT ATAACCACTT CACCCTCTTT AAATGAAACT TCGACTGTAT 3240  
 GTCCAGTTGC ATCGGAAACA TGATAATGCA ATGGCGGAAC TTCACCGATG TCATTATAAT 3300  
 5 ATACAGCTAC AACATGTATT TGGGATGCTT GTTGTTCAT ATCTTCAATG CTTGTGTAT 3360  
 ATCCCAAAAT CCATGTCACA ATTTCATTTT GCGTAATATT CATCGCGTCC GCTTGTGTG 3420  
 TTGATCCATA TGAATAATA CCTCGGAAAT ATTGTGTTGA AATGGCAACG CcATGtCAT 3480  
 10 TAACACCATC ACCATAAATA AAACCTTCCA TATCTGTTCC TGTGCCAATA AAGCCATATT 3540  
 GCGTTTGGCC TGTGCGTCCA GTGCAAGATT TCCAACGATA ATTTCTAGGC GTCAGTCTG 3600  
 GCGAACCATC TAATGGATAA TCATAATCCA TCGTGCGTCC AAGAAGTACT TGATTATTTA 3660  
 15 AAGTTTGTAT TGTGAATCCT GTGCACATTG TTCTCACTCC TCTGTACCTT CATTTACTTT 3720  
 AATCACTTTC AAATAAAGCT GTTCACTTA AACATACTAT AAAAAATCAA TTATACAAGC 3780  
 20 AATTAATTGA TATTCATTCT CAATAACTGT GGTATGATAT GTAAGGAAAT CATGACTTAT 3840  
 GTGTGAGTGA ACGATCATCT ATACATCCGT TCACTTCATC TCATGACTTT CTATATTTAA 3900  
 TTTTACAAG GAGTGACATC TGTGAATAAC ACACAATCTT CACCACGCAG TAATATTATT 3960  
 25 ATTGCGATTA TGTGTCTGTC ATTAACATAT TGGTTGTTTG CACAATCATT TATTAATATA 4020  
 GGACCTCTCG TTGGTCAAAC ATATCAAACC TCTCCTGCCG TGTTAAATTT ATCTATTAGT 4080  
 TTAACCTCCT TCGCCACAGG TATCTTCATG GTGGCTGCAG GTGATATTGC TGATAAATA 4140  
 30 GGACAACTGA GAATGACATA CATGGGTCTC ATAATCAGTA TGTTTGCATC TCTTCTATTA 4200  
 ATTATATCGG ACATCACTGC ACTGCTCATC ATCGGTAGAA TTTTACAAGG TCTATCAGCA 4260  
 GCTATCTTGT TACCTTCAAC AGTTGGCGTG TTAAATAATC AATTTAAAGG AGAACATTTA 4320  
 35 AGACGAGCGA TTAGTTATCT AATGATTAGT ACTGTTGGTG GCATCGGCCT AGCTGGTGTT 4380  
 ATCGGCGGTT TAATTGCCTC AAATTCGGA TGGCAAACGA ATTCATCAT TAGTATAGTC 4440  
 ATTGCTTTCA TTGCCATATT GCTTCTAAAA GGCACACCTG AAAAAAGTAAG TCAACATAGC 4500  
 CACCGTCATC CATTCGATTA CAAAGGTATG TCGATTTTCG CTGTTATGAT TGGTAGCTTT 4560  
 ACATTATTGT TAACACAAGG ATTCGAACAA GGTGTTTGA GTACATTTTC AATCATTTGT 4620  
 45 CTGAGCATT TtATCaTCaC TACGTTGATA TTCATCATCA TCGAACGTCG ACATGAAGTA 4680  
 CCTTTTATTG ATTTCTCAGT ATTACGCAAC CGTCCGTTCA TTGGTGCATT TTAAATAAC 4740  
 TTTGTTTTAA ATAGCGGTCT AGGCGTAACA GTGGTCTTTT TCATATATGC TCAAACACAC 4800  
 50 CTTGGTTTAt CAgcTGCGCA ATCTGGACTT GTTACATTGC CATATGCCAT TGTGGCAGTT 4860  
 GCGATGATTC GTTTAGGTGA AAAAGCAACA TTACGTTTCG GTGGCAAATT GATGCTCATC 4920

55

	CCCAAGCTGC	GTATGATATC	GCAACTTGGG	ATTTTCTGTA	TTATCTACTT	TGCAAGTATG	1440
	ACGTTGGGTC	TACTGCATAT	TGATTACCGA	TGCCACCAGA	CATACGTTGG	AAGTGACGT	1500
5	GAGGCGCTGT	TGAATTACCC	GTACTACCTG	AATATGCAAT	TTGGTCACCA	GCTTTGACTT	1560
	TATCACCAGC	TGAAACAGTT	AAACGATTAT	TATGCATATA	CCATTGGTAG	TTATTACTGT	1620
	TCGCTTCTTT	AATCGTTACT	TGATTGCCGC	CACCATAGTT	ACTCCAACCT	GCTTGACTA	1680
10	CTGTACCATC	AGTTAATGAG	TAAACTGGTG	AATTTTCAGG	CATTGCATAG	TCGACACCGT	1740
	AATGCGCACC	ACCACCGTGA	TATTGTCCAT	ATGGTTGTAG	TTGTTTACGA	CTTGTTAACC	1800
15	AGCTTGCGTC	TTTCGCATGA	CCACTAGcTG	TCGCTTTACT	TGCTGATCCA	CCATTTTGAT	1860
	TAGATGTGCC	ATTAGGATAA	TTGACCTTTC	CATTACCATC	ATGGCTGTTA	TACGCTTGGT	1920
	TGTTGTTACT	ATGTGAATAA	TAGCTCGCGT	CTGGACCTAC	ATTTGATTGA	TAACCATATT	1980
20	GATTAAATATG	CTGTTGGCTT	TGACTCGCTG	TGTAGTCATT	GTTATCTCCT	GCTGTTGCTG	2040
	GATTCACATA	TGTTTGGCCG	CTTCCATTGG	CATTTGCAAT	TTTTGGATAA	CAGTTATAAA	2100
	AATAATGCGT	ATGTCCTTGA	GCATCTACGA	ATGTATAGCT	ATATTCTTTA	TTATCAAACA	2160
25	TTGCTTGATT	CCAGTTACCA	TCAGGTGTGT	GATGATAATC	CCCATTAGAA	TCAATTGTAT	2220
	AATAAGTACC	ATAAGATACG	TCTTGTGATT	GTGTTGACAT	TTGTGTATGT	GCTTGTTGGG	2280
	TGTTTGTGCT	TTCTGCTGCA	TCTGCTTGAT	GCGCCATTGT	AAATGTAGCG	AAcCCATCGT	2340
30	TGCAATCGCT	GCTGCTGTTA	ATTTTTTCAT	GTATAAAACA	TCCTCCATTA	AAGTTAAAGT	2400
	TAGTTTTCAA	TTAAACTGTA	CTGCACATAC	TAAAAGAATT	AGACAACTGA	GTAAAGGATT	2460
35	TAATTCTCAT	TTTCCAACTA	TTTAATATTC	CCGAAATGTT	TTACTAAACT	CATTACATTG	2520
	TCATTACAAA	ATAGCCATAC	ATTGATATTA	AAATGACATC	TCTCACTGCA	TTCGTTTAAC	2580
	CTTTTATAAA	TTTTCAAAAT	TAACAACTAA	TCGTTCTGCC	ATGTTCTGCGA	TTCAACGCTA	2640
40	ATGCATGATA	GTAATCATCC	ATCAAATCAT	ATCAACCAAA	TTCCATTATC	AATCGCTATT	2700
	GATTGTCAAT	CAACTTTCTA	ATAGTGATAT	GCTTCTCAGG	CTTAAAAATC	GTCATATCTT	2760
	TTCTATTAAT	TAAATCATCT	GTGAGCTTTA	ATGCTACTAA	TTCAATTGCTG	CCATAATACT	2820
45	TAATATATAA	CGTTCTTGTA	GTTAAATTTA	TTACGGTCTG	ATACATCGTA	TAGTGATTGT	2880
	CAGCATCATG	CGGACGTACA	ATTCCAATCG	GTATATTTAC	CGCATCTAAT	AAATAAAATG	2940
50	CATTCAATTA	ATCCATTTCT	TTATCATTTG	TTTGAGCAAT	GTTTGCTTTC	ATAAATGCCA	3000
	TTCTCACAAA	GCGCTCAGTT	GAAGTAAATC	CACCTGGCAA	TCCAAATGTA	CCTGCTTCAT	3060
	TGCCTAAAGG	TTCAATCGTT	ACACCTTCCA	ATAAATTGTC	TGTTGCTGGA	TAAGGAGAAA	3120

55

AATTGTGTAG CTTTGTGTAA G

5301

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 444:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 11466 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 444:

15	GAAGATGAAA GCTATATTGA AGATGATGTT ACTAAAAAGG AAGCTATTTT AAGTATGCAA	60
	ATTCCTAAAG GTTCTCTCA AAAATTAAAA GAGAACCGTT TAAAAGAAAC GATACAGTTA	120
	TATGGTAGAG ATGACTTTAT AGGTGGTATT GCTGTAGAAA TTGTTAGTAG TTCATTATAT	180
20	GAGCAGCAAA TTCCTAACAT TATTTATGAA CACCTTGAGG ATATGAAACA GCATCAATCC	240
	ATCGATGCTA TCAACAAGTC CTATCATAAA CATAACCTG AATCTAAAAT CAAATTTGTG	300
	TCGCTTACTA AACAAGCACA ACACTCTATT TCAATTAGCT TAATCTTTGC GGTGATTTTA	360
25	TTTGTTAGCG CTGTTCAAGT AGTACTTCAT TATCGTTTAA ACCAACAAGC AGCATTGCAA	420
	CGATTATCAC AATATCATTT AAGCCGTTTC AAACATATA GTACTTATGT AATGACACAT	480
	ACGATTTTGT TATTGTTGGT ACTATTGGCA GTTAGTCTAT ATTTGTCTCA ACCACTCAGC	540
30	TTAATATTTT ACTTAAATC ACTGTTACTT ATATTGATTT ATGAGATAGG TATCGTCTTT	600
	ATCTTATTCC ATATTCAAAC AATAAGTCAT CGATTATTCA TGACATTTAT ATATGCACTT	660
35	GCTATGGGTA TCGTATACTT GATTATTTTC ATGTAAAGGA GCGTAACTGA TGATAGAAAT	720
	TAATAACCTT TCAAAGCGTT ACCGTAACAA ACAGATTTTC AATCATTTAA CTATGTCCTT	780
	TGATAGTAAT CGTTTAACCG TATTACTTGG TGATAATGGT GCTGGAAAAT CAACATTACT	840
40	TCGTATGATT GCTGGTATTG AAAAAGCTAA TGATGGAAC ATCAACTATT TCGGCGAAAA	900
	ATGGAATCAA AGACAATAAC aAAATCACAT CGGTTATGTG CCACAAGACA TTGCGTTATT	960
	TGAACACATG ACAGTGGCTG AAAACATTAA ATTTTTTAAA TCACTTTGTA AAAATCCAAT	1020
45	TAACGATACA ACTATCAACG AATATTTACA GCAATTAAAC TTTGATGATA CGTCTGCCAA	1080
	AGTATCTACA TTGTCCGGTG GGAATAAACG TAAAATTAAT ATATTAGTAG GTTTACTAGG	1140
	TCAACCTCGA ATTCTCATTT TAGATGAACC GACAGTTGGT ATTGATTTAA AATCTAGACA	1200
50	TGACATCCAC CAACTACTTA ACATCATGAA ATCTAAATGT TTAATTATAT TAACTACCCA	1260
	TCATTTAGAT GAAGTTGAAG CACTTGCAGA TGATATCAAG TTAATTGGCC AAGATCCTTT	1320

	TTTAATGCGC CGATGTTGAT GACCATGTCA ATTTTCATCTG CACCATTTTG AATCGCATCT	3540
	TCTGTTTCAA ATGCTTTCGT CGCAGTTGTC GATGCACCTA ATGGGAATCC TATTACCGTA	3600
5	CAAACATAACA CCTCTGAATC AGCTAGTCGC TCTGCTGCAT ATTTAACATG CGTTGGATTG	3660
	ACACATACAG ATTTAAAAATG GTATGCTTTC GCTTCATCGA TGATTTGATC GATTTGCGTA	3720
	CGTGTTGACT CAGGCTTCAA TAAAGTGTGA TCAATCAATT TTGCACTATT CATTTTCTAT	3780
10	CTCCTCCTTT ATGGTTGATT ATAAAAATAC GGTTGTAAAT TAGTTGATTG AGCGTCAGGT	3840
	TCATTTAAAT ATCAGGTTAG ATGTTTCGCTT TTTATGTAAC CGCATACATA TACTATTACA	3900
15	TTAATTCATT TCCCATAAAC AAACAATACA ATTGAACGTG ATATCTTCAT TATGAACGAT	3960
	GACTTGACAA CAAGCTAATC AGGATTATAT TTTTATAATT CTTTAATTCT ATAGTACAAA	4020
	AATTCGCAAA AAAGGGAAAC AAATGTTATC TTAATAATTAT TAATGAATAT TAAGGAGAAG	4080
20	ATAACAAATG ACAAAGGTA CACCACATAT TCAACCAAAT GGAGTAAAAA TTGCTAAAAAC	4140
	AGTATTAATG CCTGGCGATC CGCTACGTGC AAAATATATT GCTGATAATT TTTTAGAAAA	4200
	TGTTGAACAA TTTAACGATG TACGTAACAT GTTTGGTTAC ACTGGTACAT ATAAAGGTAA	4260
25	AGAAGTTTCT GTAATGGGT CTGGTATGGG TATTCCAAGT ATTGGTATTT ACTCATATGA	4320
	GTTATACAAC TTCTTTGATG TAGATACAAT CATTCGTATC GGTTCTTGTG GCGCATTACA	4380
	AGAAAAATGTT AACTTATACG ATGTTATTAT TGCACAAGCT GCATCAACTA ATTCAAATTA	4440
30	TGTAGATCAA TACAATATTC CAGGTCATTT CGCGCCTATC GCTGACTTCG AGTTAGTAAC	4500
	TAAAGCTAAA AATGTCGCTG ACCAAATCGG TGCTACTACA CACGTAGGTA ACGTATTATC	4560
35	TTCTGATACA TTTTACAATG CCGATCCAAC ATTCAATGAT GCTTGGAATA AAATGGGTAT	4620
	TTTAGGTATC GAAATGGAAT CAGCTGGTTT ATATTTAAAT GCGATTCATG CTGGTAAAAA	4680
	AGCACTTGGT ATTTTCACAG TAAGTGATCA TATTTTACGT GACGAAGCTA CTACACCTGA	4740
40	AGAACGTCAA AATTCATTTA CACAAATGAT GGAAATCGCT TTAGAAATCG CAGAGTAACT	4800
	TATTTAAATT GACTTTAATT GCTCTTTAAC AATGCGATTA AACTCAAAAA GCCAACACAT	4860
	TCTGGGCGTA TCCCCATTTA TGTGTTGGCT TTTATTTATA TTATTACTTA TCTGTAGATT	4920
45	AGCTTAAGTA AGATTTAAAC ATCCAATTAT GTTTATCTAC TGATGTTTGC ATACCTATAA	4980
	ACATATCTTC TGATACATCA TCGCCAGCAT TACCAGCAAT TTCGATTGCG TTTTCTAATT	5040
50	GTTTTGAGAT ATTTGTGAAG TCTTGTGATA ATTCTTCAAC CATTTGTTCT GCAGAGTAAC	5100
	CTTTCGCAGC TTCTTTAACA ATTGATTGCT CTAAGCATTC AGTTAATGTA CCTACAGGGT	5160
55	TTCTCCTAC CGCTAAAATT CTTTCAGCTA ATTCGTCTAC ATATTGGCTT GCTTCATTAT	5220

## EP 0 786 519 A2

	AATTTTTTTTA TTTAAAACAA TACCAACCGC TAAATCAATA TCATCCTCTT TTGTTAAACG	1740
	TCCCGCTCCT AACATCATCG AAGCGACACC TATATCGTTA GAGACTAATT CAGTCACATA	1800
5	ACCTGATTTT TTAGCTTTAT ATTCAATTTG ATATTGAGCT TGTGGCAAAC GCTCTGGATG	1860
	GTCAATAACA GTTTCGTCGC CACCTTGGTT TTTAATAAAT GTTTTGAATT TTTCTAATGC	1920
	TGCACCTGAA TTAATTGCCT CAATTAGCAA CGCTCTCGCT TCTTCAAGCG TTTCAGCTTT	1980
10	GTTTGCAAGT ACAACCATTT GAGAACCTAA TGTTAATACA AGTTCGTGTTA AATCTTTCCG	2040
	ACCTTGTCCT TTCAACGTAT CAATTGCTTC TTGTAECTCA AGCGCATTGC CAATCGCACG	2100
	TCCAAGTGGC TGATTCATAT CAGAAATAAT CGCCATCGTA TTACGTCCCA CATTATTACC	2160
15	AATACGTACC ATTGCGTGGC CTAATGCTTC AGCATCTTCT AATGTTTTCA TAAATGCACC	2220
	GCTACCAGTT TTTACATCTA ATACAATTGC ATCTGCACCA GCAGCAATCT TTTTACTCAT	2280
20	AATTGAAGAG GCAATTAATG GTATTGAATT GACAGTACCA GTAACATCCC TTAAGGCATA	2340
	TAATTTTTTG TCTGCAGGAG TTAAATTTCC TGATTGTCCT ACAACTGCCA CTTTATTTTC	2400
	ATTAACCAAT TTCACAAATG TTGCTTCATC TATTTCAACA TGAAAACCAT CAATTGCTTC	2460
25	TAATTTATCA ATCGTACCAC CTGTATGACC TAATCCACGC CCACTCATTT TTGCAACAGG	2520
	AACATCTACA GCTGCTACTA ATGGTGCTAA AACCAATGTA GTTGATCTC CTACACCACC	2580
	TGTTGAGTGC TTATCTACTT TGACACCTTT AATATCACTC AAATCTATCA TATCACCAGA	2640
30	ATTAACCATA GCCATCGTTA ATGCTGCACG CTCATCATCA TTCATATCTT GGAAATAAAT	2700
	CGCCATTGCT AAACCTTGATG CTTGGTAATC AGGAATATCC CCTTTAACAT AGCCGCCAAT	2760
35	AAAGAAATTA ATTTCTTCCG TTGTTAGTGT ATGACCGTCA CGCTTTTTCT CAATAATGTC	2820
	TATCATTCTC ATTTTATCA TCCTTTTCTT AAAAAGCTTA GGACAAAGCA TCTGCGCTTT	2880
	CTCTAGTCCA TTTTAAAAG CACAAGCGAA AATTATTATA GCAAGCTATC GATTTCATTT	2940
40	TTAATATCAC AATTTCAATG CGATGTTATT ATTCTTAAAT AGATTGGTTA TAACGTTAAA	3000
	GTCCCTATTA AATTATCTTA GAATCATCAT GGCATTTATG ATGTCTTAAA GCTGATATCG	3060
	ACATACTTAT ATATGGTTAC GATGTCCCAT GCTTACATAT TTTTATAAAA TTAGTAATCT	3120
45	GAATCTGCTT CTAAACCTTG CATAATTTGa ACGCCTGCGC TCGCACCAAT ACGTGTGCGA	3180
	CCTGCTTCAA CCATTTTATT GAAATCTTCT AAATTACGTA CGCCACCTGA TGCTTTTACT	3240
50	TCTATATCAG CACCTACTGT ATCTTTCATT AATTTAACGT CTTCTGCAGT CGCACCGCCA	3300
	CCTGCAAAAC CTGTTGAAGT TTTAACGAAG TCCGCACCAG CCGCTTTTGT TAATTCACCTC	3360
	GCTTTTACAA TTTGTCATG GTCCAACAAT ACCGTCTCAA TAATCACTTT TACTGTGTGA	3420

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 443:

5	ACCTATAGCT GGCCCGTCAA GTCCTGAATC ATATGTCGCT ATAAACCCAG TTGCATGCCC	60
	AGCAATCTCG GTTTCAATTT CAAAATCATG CTCTTTCAAA CGATCTATTA AAGTTCGAGA	120
	CGCAAATATT TCTTCATTAC CAAGTTCAGG ACGTTCATGA ATTCTATGAC TGATTTCGAT	180
10	ATAACTATAT TTATTTGTTT CTATATAATC GAGAATTTGT TGTMTTTCAC TCATTTTTTA	240
	CTATCTCCCT TTTACCCTAC ACTCATTITA ATCATCCACA ATATTTTGTT CTTTCAAAAT	300
	GAATTATTAC TTATTCTATC GGTTTTATCT CATGATGTCA TCTAGTTTTT CTTTATTAC	360
15	AAAATTTTCT AATAACTAAA aGCCTTTCAT AAATTTATAA AACAGTTTCA AATTGTAAAA	420
	CATAAGCCCT ATTGTTACAA TTTAAGTATT GTTAGAAACA CAACTTACAA CAAACTTAAG	480
20	TTTTATAATG CAACAAATCA TAAGCGTTTT ATAGTTTTGA GTAGTTAATA GGAGGAAATT	540
	CAAAATGACA AAAATGAATG TTGAAAGTTT cAATTTAGAT CaTAcTAAGG TGGTTGCCCC	600
	ATTTATTAGA TTAGCGGGAA CGATGGAAGG ATTAAACGGA GATGTCATTC ACAAATACGA	660
25	CATTCGTTTC AAACAACCAA ACAAAGAACA TATGGATATG cCCGGACTAC ATTCATTAGA	720
	ACATTTAATG GCTGAAAATA TTAGAAATCA TAGTGACAAA GTTGTTGATT TAAGTCCTAT	780
	GGGTTGCCAA ACTGGTTTCT ATGTATCATT TATTAATCAT GATAATTATG ATGATGTATT	840
30	AAATATTGTT GAAGCAACTT TAAATGATGT GCTAAATGCT ACTGAAGTGC CTGCTTGTA	900
	TGAAGTACAA TGTGGCTGGG CAGCAAGTCA TTCATTAGAA GGTGCTAAAA CTATCGCTCA	960
	AGCATTTCTA GACAAACGAA ACGAATGGCA TGATGTTTTT GGTACAGGAA AATAAATCTT	1020
35	AGTCAATCAA GTTAATCAGA AAaGCAGTCG AACAATGATT TTACAATCGC CATTGTCCAA	1080
	CTGCTTTTTTA TTATGCTTCA AAGTCAAAAA ATCGAACAAA TGAAAAAGTA AAATCTTTAA	1140
40	CATTGTCCG ATTTATTTGA GAACCACTAT AATTTCTTAA TTAGTCCCAT TAACACGAAC	1200
	TGCATAGGTA ACCTTAAATA TAGTTGCCAT GTTGGCAATT GTTTATCTCC TAAAGGTAAC	1260
	TTTTTAACTG CCATATAGAT ATTAGCTGGG AATACAGCTA GCAAGAATAG ATTGATTGTA	1320
45	TTTTTCAAGC ATTGAGATGG TCTTTTAATT AAAAGTGCAA GTCCAAATAA TATCTCAAAG	1380
	ATTCCTGTAA CAAGAACCGC TGTTTTTTGA AGTGGCAAAC ATTTCCGTAT GATATTTCTA	1440
	AATTGTGCTT CTCGTGTAAA ATGCAATACA CCTATTACAC TAAACCTAT TCCTAATAAA	1500
50	TATCTTAGTA TGTTCATCA GCTTCAACTC CTATTCTGTA ATGATTTTAT GAATTAATGT	1560
	AGGCGATACA ACATGaTCAG CAATTGTTAT GCTTGAATCT AATTTTTTTAA CAACATCGTC	1620

55

ATCAAGGAGC GAAACATCCG AATGAAAAAG TTGTTGCTAC TGA CTCAGCA ATGATTCCTT 1860  
 ATGCTGCTTG GCAGAAATTT GCTAGACCAC GCTTTGaTAA TATGATTAGT TTTAATAGTA 1920  
 5 CCAACGATTT ATTAACATGG TTACAAGATC CATTCaTCAA AGATATGCCA GGAAAACGCG 1980  
 TTAACATTAA TGATGGTGTG CCCAGGTTAG ATACTTTAAT AGACAGCCAT GTAGGTTATA 2040  
 AAAGGAAGTT AAATAGAAAA GATAACACAT ACGATACTGT ACCACTAATC AAAATAAAGT 2100  
 10 CGGTAAAAGA TACAGAAATT AAAAATGGAA AAAAAGTAAA AAAGACTATT AACATAACAT 2160  
 TAGATATGGA TGGGCGAATT CCAATAAATG TTTGGACAGG AGATTTCGATT GCACGTTCTG 2220  
 GAAGAGGAAC TTTAATTAAA CTTAATTTAG AAAATCTTGA TGC GTTGAGT AAAGTATTA 2280  
 15 CTGGTGAAAC AAGTGGTATG TTAGCAGAAT GCGTAATCTT TTTAAATGAA AGTTTTAACA 2340  
 TCTCAGAAAA TGAAAAATAA AATTTTG CAG ATAGAAAGAA ACAATTATCA GAAGGATTTA 2400  
 20 AGGATAAGAT TAACTTATTT CAGTTAGAAG AAATGGAAAG AACTTTAATT AGTAAAAATAA 2460  
 ACTCACTTGA AGAAGTTGCA GATGAAACAA TAGAAAGTAT TAGTGCTGTT AAACACTTAT 2520  
 TACCTGATTT TGCATTGGAT GCATTAAAAG AAAGAATTAA TGAGTTGTTT AAAGGTATAA 2580  
 25 AATCTTTTAT AGAAAAAGTG TATGATAGTA TAGATAATGA AATTTTAGAA ATTTTCAAAA 2640  
 ATATAGATCA CGACTTCAGA GATGGAGTAT CTGAAGAAAT GATGAAACAT TTGAAAGTAG 2700  
 TGAAACAGAA TATAGACCAA ATAAAAATC AAAATGATAT TTATGGTAGG CAAATTGCAG 2760  
 30 ATATTAGAAG TATTATGAAA CAACAAGATG CAACAATTTT AGATGGAAAT TTTCAAATTA 2820  
 ATTGTAGCGG CGAAAATATG GTACAGGGTC TAGTTATACC TTCTAATTAT TTAGGAAGAA 2880  
 AAATGAAAT ATTAAAGAC CATATCGATG ATGGTATTAA AAAAATAGCA GACTATGTTC 2940  
 35 AAGGTATATA TGATGAATAT GCATCGAAAA TTGTCGATGT AATAAAATAT TTGATTAATA 3000  
 CAATTCCCAA AATACGTAAG AATTTAAGAC ATGCAATTGA AATGTTAAAT GTAAAAAAGA 3060  
 40 AAGAATTTTT GTCCCTGATT CCTAATGTAA CTTGTAATTA TATTAAACT AAATTAGAAG 3120  
 AATTAGATAA TACTTTAGGC AAATGGGAGC CTTTCTTAA TGATTTAAAA GCAGTGTCAC 3180  
 CAATTTTAGA TAACCATTTA GATGATATTG TTAAGAACAT GAAGCCTTTG ATTGTACAAA 3240  
 45 TGATATWTGA ACCATCACAT TATGaCGATA TGTTTAATTC aAGAAAAGCT TTAACGcCAG 3300  
 TGTCTCAAG CGTTTTATAA AGGTG 3326

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 443:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 5301 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double



	CAAGGTACCG GTTTAGGTTT GTTCATTGT AAAATGATTA TCGAAGAGCA TGGTGGTTCC	60
	ATAGATGTTA AAAGCGAATT AGGGAAAGGC ACAACATTTA TTATTAACT ACCAAAACCA	120
5	GAATAAAATT GAATATAGTT ATTCAGAAC GCATGTTATT GATTAGAGAC TCTAATTTAT	180
	AGCATGCGTT TTTTGATTGA TGTGGGGAAT TTTGTATGTG GATTAGAACT TAGGGTTTTT	240
10	GCGAATATCA ACTATTAAAT ATATTACTAA TTTATACAAA AATATAAAGT TTGATAAAGT	300
	TATTTATTTG ATTATAAAAA TAGGGTAAAA TATAGATATA TTGTATTAAT TAAATTATTC	360
	GAGGTGTCAT ATGAAAAAAT TCATTGGATC AGTTTTAGCT ACGACATTAA TTTTAGGGGG	420
15	ATGTTCCACG ATGGAAGATG AATCAAAAAA AGACACAAAA ACAGAAACAA AATCTGTACC	480
	AGAAGAAATG GAAGCTTCAA AATATGTAGG CCAAGGCTTC CAACCGCCTG CAGAAAAAAA	540
	TGCGATTGAA TTTGCGAAGA AGCATCGTAA AGAATTTGAA AAAGTAGGTG AACAAATCTT	600
20	TAAAGATAAC TTTGGACTAA AAGTTAAAGC TACAAATGTT GTAGGTAAAG ATGATGGTGT	660
	AGAAGTTTAT GTGCATTGTG AAGATCATGG CATTGTATTT AATGCAAGTC TACCTTTGTA	720
	CAAAGATGCC ATCCATCAAA AAGGATCAAT GCGCAGTAAT GACAATGGTg ATGATATGAG	780
25	TATGATGGTG GGTACAGTGC TGAGTGGCTT TGAATATCGA GCGCAAAAAG AAAAGTATGA	840
	TAACTTATAT AAATTCTTCA AAGAAAATGA AAAGAAATAT CAATATACAG GCTTTACAAA	900
30	AGAGGCAATT AACAAGACAC AAAATGTCGG ATATAAAAAT GAATATTTTT ATATTACATA	960
	CTCTTCTAGA AGTTTAAAG AATATCGAAA GTATTATGAA CCACTGATTC GAAAAAATGA	1020
	TAAAGAATTT AAAGAAGGAA TGGAACGAGC AAGAAAAGAA GTGAATTACG CTGCAAATAC	1080
35	AGATGCTGTT GCTACACTTT TTTCTACTAA GAAAACTTT ACTAAAGACA ATACAGTAGA	1140
	TGATGTAATC GAACTAAGTG ATAAATTATA TAATTTAAAA AATAAACCAG ATAAATCTAC	1200
	AATCACAATA CAAATAGGGA AACCCACTAT TAATACTAAG AAAGCCTTTT ATGATGATAA	1260
40	TCGTCCAATA GAATATGGGG TGCACAGTAA AGATGAATAA AATTAATGAT AGGGATTTAA	1320
	CAGAATTAAG TAGTTACTGG GTTTATCAAA ATATTGATAT AAAAAAGAA TTTAAAGTTA	1380
45	ATGGAAAAAG GTTTAAACAA GTAGACAGTT ATAATGATGA TAAGAATAGT AATTTGAATG	1440
	GTGCTGCTGA TATTAAAATA TATGAGTTAT TAGATGATAA AAGTAAACCA ACTGGTCAAC	1500
	AGACAATAAT TTATCAAGGA ACATCTAATG AGGCAATTAA TCCAAATAAT CCATTAAAT	1560
50	CATCGGGGTT TGGAGATGAT TGGCTCCAAA ATGCTAAATT AATGAATAAT GATAATGAAA	1620
	GCACAGATTA TTTAAAGCAA ACAGATCAAT TATCAAATCA ATATAAAATA AAGTTAGAAG	1680
55	ATGCAGATAG ATTATCAAAT AGTGATTTTT TAAAAAATA TAGAATGGAA TCAAGTAACT	1740

AAATTCTTTA TAGACTGATG CAAATCTAAC ATATGAACT TGATCAACAT GCATTAACAA 1200  
 GTTCATAACG TGTTCACCTA TATCTCGTGA AGACACTTCC GTATGACCTT CATCTCGTAA 1260  
 5 TTGCCATTCA ACCTTGTTAG TTATGTCTTC AAGTTGTTGA TATCTAACTG GTCGTTTCTC 1320  
 ACAAGAACGC ACAAGTCCAT TAAGTATCTT TTCTCTTGAA AACTGCTCTC TTGTGCCATC 1380  
 TTTTTCACA ACTATAAGCT GACTAACTTC GATATGTTCA AATGTAGTGA AACGTGTTCC 1440  
 10 ACAATTTTCA CATTCTCTTC GTCTTCGAAT GGCATTTAAT TCATCGGCAT GCCTTGAATC 1500  
 TACAACCTTA GATTGTGTAG AATTACATTT CGGGCATTTT ATTACATCAC CCTCTTTATT 1560  
 TTGATTATGC CTAATTATAC TATAAATCTA GAGATGAAAA AAGAATCCCT CAATTTAATT 1620  
 15 CATTTAACCA AATAATGAAA CAATAAAAAA CATTATATCG TTACTTATTA AGTAATTTGC 1680  
 ATGACAATAT TATTGTATTA AAAATAAAAA ACCTAACTCC GAAGTCAGAG TTAGGCTATA 1740  
 20 AATTAATTGT ATTAACCTGC ACTTACAGTT TCTTTTGATG TCAAAAGTGC TCCAATTTGC 1800  
 TCAGCAACAT CTACAACTCT ATTTGAATAA CCCCATTCAT TATCATACCA AGCAATAACT 1860  
 TTTACTTTAT TCCCTGACAT GACCATTGTT GATTTTGCAT CAATAATAGC TGAATTTGGA 1920  
 25 TTAGTATTAA AATCAACAGA CACTAGTGGT TGATGTTTCA CTTCTATGAT ACCTTCTAAA 1980  
 CCTGCATTTT CAAAAGCTTG GTTTACTTCT TCTGCAGTTA CTTCTTTTTC TAAATCAACA 2040  
 ACTAAATCAA CGAGCGATAC ATTCTTTGTT GGTACACGTA ATGCCATGCC GTGTAATTTA 2100  
 30 CCTTCTAATT CTGGTAATAC TTCTTTTAAA GCTTTTCGCC CACCAGTAGA AGTAGGAATA 2160  
 ATGCTTTCAT TACATGAACG TGCACGTCTT AAATCTTTAT GTGGATTATC AATATTTTTT 2220  
 TGGTCATTTG TAATAGCGTG AACAGTAGTC ATTAAACCAT TAACTATTCC AAAGTGATTA 2280  
 35 TTTAAAACTT TTGCAACTGG ACCAATGCAA TTAGTAGTAC ATGAAGCATT ACTAAAAATG 2340  
 TCAAATGCTT CTATATCTAA TTGGTTATCA TTTACGCCTT TAACTACCAT TTGAACATGT 2400  
 CCACCTTTTG nAGGACCAGT TAACAAAAsT TTTtTGGCAC CTGCTTTAAT ATGTGCGATG 2460  
 40 GCTTTATCAC CATGaTTAAA TTTACcAGTT GCATCTATAG CAATATCGAT ATCTAATTCT 2520  
 TTCCATGGCA AGTTTTcAGG ATTGCGATCA GCAACCAATT TAATTTTATG ATCT 2574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 442:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3326 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

ATTGGACCGT GGGTAACAAA TACTAATTGA AGTCGTGATA ACGTAAAAAT TAAAAATACT 480  
 ATTTATAATC ATTTACATTT AAAGCATATA TTTGAATCGA tGCCTTATCT CTATGGTGAT 540  
 5 GATATTAATA AACTTCAAGG TAGGCCTATC GTTGGCTTAT CTCATGCTGC CGGGTATGCA 600  
 TGTGGCTATC ACTTGGTAAA ATACTTTTTTA CAAAAAACAA ACATACCTAT TGAAGTTGCT 660  
 10 ACAACACTTC CAGCACAAAA AA 682

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 441:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2574 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 441:

ATCTTCTTTT AACATGACAA ATTGCAACAA AATATTAATG ACGCCAAAAG ACATTTTTTTC 60  
 ACGTTCAATT AATTCTTCAA CCATTGTCTT TTGCGATATA GTTGGTTCTG ATTCAGACCA 120  
 25 AGAAGCTAAC ATATCAATTG GACTCGTTTG TTCAAGTAAC TCAAACCATT CATCACTTTG 180  
 TGGCTTTGGA TTCACTTCTG AAGATTTGCC CGCCGAAGAT GATGTAGCAG GAGATTTTAC 240  
 CTGTAATTTA GGCATTTGAT TTTCGTGTTT CATTAAGTAA TACGAGCGTG CTTGTTTACG 300  
 30 CATTTCTTCA AAGGATAACT GTTGTCCACT TGTAATTGAA TTTAAAATAA CATGCTTCAT 360  
 GCCATCTGCT GTTAAACCAT ATAAAGTCGC GAGTTGTGTA ATTAAACGCT TTGCATCTTT 420  
 35 GGTAACAATG TCTTGACTAA TAAAATGTTT ACCTAACATT TGTCTCAACA TTTCAAAGTC 480  
 AAAAGATTCA TTTGATAAAT CGATACCTTG GTACGGTTCA TTAATCGGaa TATCACTTGT 540  
 ATCGATATCT ATTTTGTAG ACGGCACTTT AAAAACATCA GTAAATTGTC TTGTTACCTG 600  
 40 TTTAAATTCA CTCAAATCAA TTTGTTGATA CTCAAAGTAT TTCTTCAACT CATGAAATCG 660  
 ACGATGCTCG ACTTCACTAT ATAAAAAGAT TGACAACATT GGATCATTAA AAAATAAATG 720  
 TGCTGAAGGG GtTGaATTAA TTGGTAAACA AATTGTGTTT CTTGTTTCATC ATGTTTGACA 780  
 45 AACGCCTTTA ACAATCCAAT CGCTTCAAGT AAGTCCATTT GTTGTCTAAA CTCTAGTAAA 840  
 TTAATTTTAA GTTCATTCAT AAAAATATAA TGAGAAAGAA TCAATGTTTC ATTATGACTT 900  
 TCTTTAACGA ATTGAGTCAT AAAATGATAT AAACCCACTG CTTGCGTTCC AATTAGCGGT 960  
 50 GTATACAGTC GATTCAATAC CTCTAAATGA TTCGTATTTA AATCAAAGTG TTGCATAACT 1020  
 TTGAATTGAT CCTTTGGTCT TAAGCCGAAT TCGAAGGCTT GTCGTCCCAt TTAAGCnATC 1080

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 439:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 608 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 439:

```

ATGTnGGCGG ACGTAAAGGA CATGTTTATA CTGATGATCG AGCATTAGAT ATTGATATCG      60
TTCCGCCTGC TCAAGCAGAT GGTAAAGCTA CTAACCCCGA ACAATTATTT GCAGCAGGTT      120
ATGCATCTTG CTTCAACGGT GCTTTTCGACC TAATTTTAAA GCAAAACAAA GTGCGTGATG      180
CTCATCCAGA AGTAACACTA ACAGTGAGAC TAGAAGATGA TTCAGACTCA GAAAGTCCTA      240
AATTAAGTGT TTCAATTGAT GCGACAATTA AAAATGTTAT ATCTCAAGAA GAAGCTGAAA      300
AATATTTTACA AATGGCTCAT GAATTTTGTC CATATTCAAA AGCGACTCAA GGAAATATTA      360
ATGTCGATTT AAATGTAAAT GTTGTAGATT AGCATTAACT TAAAGAGATT ATTCAACGTT      420
ATTAATAAAA TTCACATAAA ATTCAAATTT stCrAcCAAA AATTTTTGGT TGGyTATTTT      480
TTCTATTCGT GATTGAAATT TCTGGCAATA TTAACTGAA AATGATTGTA CCTTAGTCAT      540
CATAAATGTG ACCGGTTCCA AACTGGCTT GACTTCTTCG CATACCGTCT ACAAATAAAA      600
GTCCAGTG                                         608
  
```

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 440:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 682 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 440:

```

CCTTTCAAtT TCTCCCAaGA TTTACGCATG TCTGACCAAA TGTCAATACA ATACCTGAAT      60
AATGATTTCT GGAGTAATTG CGAAAAATAT TTAAAAGTTG CTATAGATCA ATTTTCAAAT      120
TATAGTATCT CATCTCAAGT TTCTAACTAT CATTTCACAG TATTACTTGG AGATCGCCAA      180
AAACCACTTA TGTATCTAAA TAAAAATCGC GGTGGTGATG GTGGCATACC AGGTTATATT      240
ATGATTTTATT TAGTGCCGAG TACAAGTACA ATTAATTCTA TGAAAAGCTT AATTGCACAT      300
GAAGTAAATC ATAATATGCG CTATCAATAT ATTGATTGGG ATGGCGGAAG TTTGATTGAA      360
  
```

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 438:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1419 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 438:

	ACAAAATCAA TCAGCAAAT GATTGGATTA AGACGCAAAT TGAGCGTTCA ATGGAAGGCG	60
5	AAACAGTTGG CATTAATGAT CAAAATATAG AAATATATAG TGAACGtTgA GATTTATACC	120
	ATACACTCGT ACCTTTAAAT CAAGAATTGC ATAAGTTGCG ACTTAAAACT CAAAACCTAA	180
	CCAATGAAAA TTATAATATT AATGATGTGA AAGTTAAAAA GATTATTGAA GATGAACGTC	240
10	AAAGACTAGC ACGAGAACTT CACGATTCTG TTAGTCAGCA ACTTTTTGCG GCMAGTATGA	300
	TGCTATCTGC TATCAAAGAA ACGAaTAGA ACCACCATTA GACCAACAAA TTCCTATTTT	360
	AGAGAAAATG GTTCAAGATT CGCAGTTAGA AATGCGTGCT TTGCTGTTAC ATTTAAGACC	420
15	GCTTGGTTTA AAAGACAAAT CTTTAGGTGA GGGTATTAAA GATTTAGTTA TTGATTTACA	480
	AAAAAAAGTG CCAATGAAAG TTGTGCATGA AATACAAGAT TTAAAGTGC CTAAAGGTAT	540
20	TGAAGATCAT TTGTTTCAGAA TTACACAGGA AGCAATTTTCG AATACATTGC GTCATTCAAA	600
	CGGTACAAAA GTGACAGTAG AATTGTTTAA TAAAGACGAT TATTTATTGT TGAGAATTCA	660
	AGATAATGGT AAAGGTTTTA ATGTTGATGA AAAATTAGAA CAAAGTTATG GACTTAAAAA	720
25	TATGCGTGAA AGAGCTTTGG AAATTGGTGC AACGTTCCAT ATTGTATCAT TGCCAGATTC	780
	AGGTACACGT ATCGAGGTGA AAGCACCTTT AAATAAGGAG GATTCGTATG ACGATTAAAG	840
	TATTGTTTGT GGATGATCAT GAAATGGTAC GTATAGGAAT TTCAAGTTAT CTATCAACGC	900
30	AAAGTGATAT TGAAGTAGTT GGTGAAGGCG CTTCTGGTAA AGAAGCAATT GCCAAAGCCC	960
	ATGAGTTGAA GCCAGATTTA ATTTTAATGG ATTTACTTAT GGATGACATG GATGGTGTAG	1020
	AAGCGACGAC TCAGATTAAA AAAGATTTAC CGCAAATTAA AGTATTAATG TTAAC TAGTT	1080
35	TTATTGAAGA TAAAGAGGTA TATCGTGCAT TAGATGCAGG TGTCGATAGT TACATTTTAA	1140
	AAACAACAAG TGCAAAAGAT ATCGCCGATG CAGTTCGTAA AacTTCTAGA GGAGAATCTG	1200
40	TTTTTGAACC GGAAGTTTTA GTGAAAATGC GTAACCGTAT GAAAAAGCGC GCAGAGTTAT	1260
	ATGAAATGCT TACAGAACGA GAAATGGAAA TATTATTATT GATTGCGAAA GGT TACTCAA	1320
45	ATCAAGAAAT TGCTAGTGCA TCGCATATTA CTATTAAAC GGT TAAGACA CATGTGAGTA	1380

(A) LENGTH: 1553 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 437:

10	ATAATGAAAT AATACTGTGT TTTATCTGCG AAATGTATcA TTTTCTAATc GTTTCACAGT	60
	AAAATGAAAA GATAAAGTGT GTTTTTACTT GAATTTTGAC TAAAATTACT CTATATTTAT	120
	TAATTGAGCT ATGCTTATTA TTACAATTG ATTACAAATT TTAAATTGT TAATTGAATG	180
15	ATAATATTAA ATAAAGAAAC TTACACAAGC AAATATGAGT TGTAGCCCAA AATACTTGTT	240
	AAATCAAAGT TGAAAGCTAC AAATAATGAA AATTATAAAC TTGAATCTGA AAGTAATTAC	300
	TATAATTATG ACAATGTTAA CTTTTAAACG CACTTATTAA TTAAC TACAT AATGTTAATA	360
20	TCTAATTTAT TCAAGTACTT TCGCAAGATT TATTATCTAA ATAACGGGGG AAAGAATCAT	420
	GAGTcCACAA AAAAgAAAAT TAGTCTTTTT GCGTTCTTCT TATTAACCGT AATAACGATT	480
25	ACCTTGAAGA CGTATTTTTT TTATTATGTT GATTTTTCTT TAGGTGTTAA AGGTTTAGTA	540
	CAAACTTAA TATTATTGAT GAATCCTTAT AGTTTAGTAG CACTGGTTTT AAGTGTGTTT	600
	CTATTCTTTA AAGGCAAAAA AGCATTTTGG TTCATGTTCA TAGGCGGCTT CTTATTGACG	660
30	TTCCTATTAT ATGCCAATGT TGTGTACTTT AGATTCTTCT CTGATTTTTT AACGTTTAGT	720
	ACTTTAAACC AAGTAGGTAA CGTAGAATCT ATGGGTGGTG CGGTTAGTGC ATCATTCAAA	780
	TGGTATGACT TTGTTTATTT CATTGATACG TTAGTTTACT TATTCATTTT AATATTTAAA	840
35	ACAAAATGGT TAGACACAAA AGCATTTAGT AAGAAATTG TTCCTGTCGT AATGGCGGCT	900
	TCAGTAGCAT TATTCTTCTT AAACCTAGCT TTTGCTGAAA CTGACAGACC AGAATTATTA	960
	ACACGTACAT TTGACCATAA ATATTTAGTG AAATATTTAG GACCTTATAA CTTTACAGTA	1020
40	TACGaTGGTG TTAAAACTAT CGAAAATAAT CAACAAAAAg CGCTAgCATC TGAAGATGAC	1080
	TTAACaAAAAG TATTAAAtTA TACGAAAcAA CGTCaAACmG AGCCTAACCC rGAwTATTAT	1140
45	GGGGTGGcAA rGAAGAAAAA TATTATTArG ATTCATTAG AAAGTTTCCA AACCTTCTTA	1200
	ATTAATAAAA AGGTTAATGG TAAAGAAgTA ACACCGTTTT TAAACAAATT ATCAAGTGGG	1260
	AAAGAGCAAT TCACATACTT CCCTAACTTT TtCCATCAAA CAGGTCAAGG TAAAACATCT	1320
50	GACTCTGAAT TTACAATGGA TAACAGTTTA TACGGTTTAC CGCAAGgTTC TGCCTTTTCA	1380
	TtaaaaGGAG ATAATACGTA TCAGTCATTA CCAGCAATTT TAGATCAAAA GCAAGGCTAC	1440
	AAATCTGATG TCATGCACGG TGACTATAAA ACATTCTGGA ACAGAGACCA AGTATATAAA	1500

55

EP 0 786 519 A2

	GTATAAATAA TTTAGTCATT TGCAAGACCT CGCTCTACCA TATATTGTCT AATTGTTTCC	1680
	ATATCTTTAT CGCCACGTCC AGAAATAGTT ACTACAATAA TATCTTCTTT CGACATCGTA	1740
5	GGCGCTAGTC TTTCAACATA ACTCAGTGCA TGTGCACTTT CAATTGCAGG TATAATACCT	1800
	TCATGTTTTG TAAAGTTGAT TAAAGCATT ATTGCTTGTG TATCACTAGC ATTTTCAAAA	1860
	GTTACTCTAC CAATGTCGTG GTAATAAGAA TGTTCCTGGT CAATACCAGG ATAATCAAGT	1920
10	CCTGCTGAAA TAGAATGTGC TAGTTGCACT TGCCCATCTT CATCTTGAAT TAAATACATT	1980
	TTAGTACCAT GTAATACGCC AGGTGATCCT TTGCCAATTG CAAGTGCATG TTTATCAGTA	2040
15	TCATCGCCTT GACCTGCGGC TTCAACACCG TATAATGCAA CATCATCTTT AATAAATGGA	2100
	TAAAATGTAC CGATTGCATT TGAGCCACCA CCGATACATG CTACAATTGC ATCCGGAAGT	2160
	CGACCTTCTT TCTTCAATAT CTGTGATTTT ATTTCTTTAC CAATCACACT CTGAAAATCT	2220
20	CTAACAATCG TTGGGAACGG GTCTGGACCT AATGCAGAAC CTAATAAATA ATGTGTATCA	2280
	TCTACATGAC TTACCCAATA TTGCAATGCT TTATTAAGTG CATCCGATAA AGTCCCTTGA	2340
	CCATCTTCAA CTGCCACAAC CTTTGACCA AGTAATTCCA TTCTAAATAC ATTAAGTTGT	2400
25	TGTCTTTTAA TATCTTCACT TCCCATAAAG ACAACAAGTT CCATATCAAA TAATGCAGCA	2460
	ACCGTAGCAC TAGCTACACC ATGTTGACCC GCACCAGTTT CAGCAACAAG CTTCTTCTTG	2520
30	CCCATTCTTT TAGCAAGCAA CGCTTGACCT AACGCATTAT TAATTTTATG GGCGCCTGTA	2580
	TGATTTAGAT CCTCTCGTTT CAAATATATT TTAGCGCCAC CTAGGCTTTC AGTATATGAT	2640
	GCAGCATATG TAAGTGGTGT CGCGCGTCCT ACATACTCTG ATAAATAGTA TTCCAGTTCT	2700
35	CTTTGAAACT CTGGGTCTGC TTTTGCCCTT TTATAAGCTT TTTTCAACTC AATAATTGCT	2760
	GGCATTAATG TTTCTGGAAC ATATTGCCCT CCATATTCAC CAAAGAAACC TAATTCATCT	2820
	GCTTCTGTTT GTATTTGTTT ATTCATTGTC TCTATCTCCT TTCACAATAT TTACAATTGC	2880
40	TGTCATTTTT TCTATATCTT TTCGCCCATT TACTTCTATA CCTGATGCAA GATCATAACC	2940
	TTGATGTGAT AATTTAAGTT GATTAACTGT TTGAATATTT TCAGAGTTAA TGCCTCCTGC	3000
	TATCAAATAA GGTATGTCTT TTATGTGCTT CAAAATAGTC CAGTCATATG TTTGACCGGT	3060
45	ACCACCATAC GACACTGAGG GTGTGTCGAT AATAAATAA TCTACGAACC CTTTATATTT	3120
	ATTTATGTTT TGGATTATGT TTTTCATCTnG CAGtAAAGCT TTAGTGATTT TAATGCTTGA	3180
50	ATATkTCTTT TTAATTTCTT GTAtAAAAAtC AATAGATTct GtGTAAGTGT ATTGTGkTAA	3240
	wTGaCGwATg CtTAaWACgT GTGCCAATGG T	3271

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 437:

55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5  
(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 436:

	TAAAAACTTA CTTTAACACC ATTCCTTTTT AACTTTTTTC GTGTTTCnTT TnCTTAAGTC	60
10	CATCCATATT TTTAATGATG TCATCTGCTG TTTTATCTTT TAAATCTAAC ACTGaGTGAT	120
	AmCGAATTTG TAGCACAGGA TCAAATCCTT TATGGAATCC AGTATGTTCA AATCCTAAGT	180
	TACTCATTTT ATCAAAGAAC CAATCATTAC CAGCATTACC TGTAATCTCG CCATCATGAT	240
15	TCAAGTATTG ATATGGTAAA TATGGATCGA TATGTAGGTA TAGACAACGA TGTTTTTTAA	300
	CATATTTTGA TAATTCATTA AAGAAAAAGT GTACGAGTTC TTGATTTTCA TAATCAATCA	360
	CTGGACCGCG ATTTGAATAA AAATACTTGA ACACTTTCAT AACAGGTACA GCAGTAAGtA	420
20	AGCAAGCTGC AATGACCTCG TTATTATTGT TTTTATTCC CACTAAATGT GTTTCATAAC	480
	CTTCAGCAAG CTTTAACTCA TAGTGGCCAA CAGTTTGCCT GaAATGACTG TATGGCATGC	540
25	TATCTGTAAa GGCACCAAAC TCTTTAGCTG TTAAATTTGT AAAC TTCATT ATCATTACTC	600
	CTATTTGTCT CTCGTTAATT AATTCATTT CCGTATTTGc AGTTTTTCTA TTTCCCCTCT	660
	GCAAATGgCA AAAATAATAA ATCTAATCTA AATAAGTATA CAATAGTTAA TGTTAAAACT	720
30	AAAACATAAA CGCTTTAATT GCGTATACTT TTATAGTAAT ATTTAGATTT TTGAATACAA	780
	TTTCAAAAAA AGTAATATGA ACGTTTGGGT TTGCTCATAT TACTTTTTTT GAAATTGTAT	840
	TCAATTTTAT AATTCACCGT TTTTCACTTT TTCAAACAGT ATTCGCCTAA TTTTTTTAAA	900
35	TCAAGTAAAC TTAATTATTC AATGTTTGTT GGATAGATTG TAAATATTTA ATGATTTTCCT	960
	CACGCGTGTT AGATTTAAAT CGCTTAACGA TTTCGCTACC AATGACAATG CCATCTGCAA	1020
	CCTCTTTTAT ATCTGCAACA TGTGTGGTG TTCTTATACC AAATCCTGCG ACAACTGGCA	1080
40	CATTGGCTAT CGCTTTAATT GACTCAATTT TTCGTTTTAA TTCTGGATGA AACGCACCGT	1140
	TTTGCCCTGT TGTCGCATTC ATCGTCACAG TATAAATAAA GCCTTCGCA TGGGATACGA	1200
45	TATCTTTTAT ACGTTTGTCA TCAGTAGTCA TCGCAACTAA CGATATGATT TTGACGCCAT	1260
	AGTGACTAAA TTGTTGTTTT AAACGCTGCG ATAATTCATA TGGTAAATCA GGAATAATTA	1320
	AGCCGTAGAC ACCAGTATCT CGACATTTTT CAAAAACGC TTGTTCTCCA TAATGACAAA	1380
50	TAATATTATA ATACGTCATT AATACATAGT TACACTTAAT TTGATCACCA TGTTTTTCTA	1440
	ATTGATTGAA AATATAATCT ATCGTGATGC CTTGTTTAAT CGCTTGTTGA CCTGCTTCCA	1500
55	TGATAACTGG ACCATCAGCA ACCGGATCAG AGAAAGGTAC TCCAATTTCA ATTATATCTG	1560



TCGAATGAAA TCACTACATT TCCCCCTAAA ACTAATATCA ACATTTTAAT AAGATAAACC 1200  
 AATTTCAAAA CTAGTTCGAT ATTTAAAATG TATTATGGAT GGnTAAAGTT TGTATCGCAT 1260  
 5 TATCGCGAAG TTGnATAAAT ATAT 1284

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 435:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1072 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 435:

ACAGCTTTTG GTAaGGAGA AAwTCAaTat GAAACAGTAT AArGCGTATT TaATCGATTT 60  
 20 AGATGGCACA ATGTATATGG GAACAGATGA GATTGATGGA GCAAnACAAT TCATCGATTA 120  
 TTAAATGTA AAAGGCATTC CTCATTTATA CGTAACTAAT AATTCAACAA AAACACCTGA 180  
 GCAAGTAACT GAAAAATTAC GTGAAATGCA CATTGATGCT AAACCAGAAG AGGTTGTAAC 240  
 25 GTCAGCGTTA GCCACTGCTG ATTATATTTT AGAACAATCA CCAGGAGCAT CAGTATATAT 300  
 GTTAGGTGGG AGTGGTTTAA ATACTGCGTT AACCGAAGCG GGACTTGTCA TTAAAAATGA 360  
 CGAGCATGTT GATTATGTAG TTATTGGACT TGACGAACAA GTTACATATG AAAAGCTTGC 420  
 30 GATTGCAACG TTAGGTGTAA GAAATGGtGC AACATTTATT TCTACAAATC CTGATGTATC 480  
 AATTCCTAAA GAGCGTGGTT TATTACCTGG TAATGGTGCT ATTACAAGTG TTGTAAGTGT 540  
 35 ATCGACAGGT GTATCGCCAC AATTTATTGG TAAACCAGAA CCGATTATTA TGGTTAAAGC 600  
 ATTAGAAATT TTAGGATTAG ATAAATCCGA AGTTGCTATG GTAGGCGATT TGTACGATAC 660  
 CGATATTATG TCTGGTATTA ACGTAGGTAT GGATACGATT CATGTACAAA CAGGTGTATC 720  
 40 TACGTTAGAA GATGTGCAAA ATAAAAATGT GCCACCAACG TATTCTTTTA AAGATTTAAA 780  
 TGAAGCAATA GCTGAATTAG AAAAATAGAT ATAGTCATTT TATAAAGTAG GTGAATTGAT 840  
 TTGGTAAAAA TAGTTGTTTC GAGGAAAATT CCAGATAAAT TTTATCAACA ATTAAGTAAA 900  
 45 CTTGGTGACG TTGTTATGTG GCAAAAATCA TTAGTGCCTA TGCCTAAAGA TCAATTTGTG 960  
 ACaGCcTTcG TGACGCAGAT GCTTGTTTTA TTACATTAAG TGAACAGATC GATGCAGAAA 1020  
 50 TTTTAGCGCA ATCACCAAAT TTAAAgTAA TTGCGAATAT GGCTGTAGGA TA 1072

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 436:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3271 base pairs

TTTCTTTAGA TTCACTACTT TTTTATTACC ATCATTCAAA GTAAGCGTAT AAGTTGCTGT 4500  
 TTGGGCATTA TTAATTTTTT CTGTTGTAAC ACCACGTTGA GAAGCTAATT CATTTTTTAC 4560  
 5 TTTACTGTCA ATTTCTTGAT AAAGAACATT TTTATTTTCT GGAAGATAA AGTAAGTTCTG 4620  
 ATGTAATGCA GTAATACCAT CTACTGAAAT TGTGTAAGGA ACAGTGTGAT AACCATCCAC 4680  
 10 AGTCATTTCT TTATAGCCGT TATTACTATC TGCAGATGCT TCGTGACTCG GTA 4733

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 434:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1284 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 434:

AATAAATGGT AATTTTATAT CATCAACGGC TACAAATGGG GCAGTTTCAT ATATAAATAA 60  
 ACACATCTAC TCAACTGnTC TTAATTAATT AATAAATGAT TTACCAGATG ACATATAACA 120  
 25 GCCATTATTA GntTAATTCT AATAGTTTAT TTAAATTTTC TTCGGTTGTC GCCCAACTGG 180  
 TTGCGAATCT AACAACACGA TGTTGATCAT CGTATTTTTC CCAAACAGCA AATTAACTT 240  
 TTTGTTCTAA CTCTGCTATT TTCTCGTTAC TTAAATAAAA AAATTGTTGA TTGGTTGGAG 300  
 30 AATCAAAGTA AAGACGATAG CCTTTATTTT TAAACCCGTC TTCATCTTA TTTGCCATTT 360  
 CGATAGCATG TCTGCTTATA TTAAAATATA AATTGTCCGT AAATAATTCT AAAAATTGTA 420  
 35 TGCCTGTAA CCGTCCTTTT GCTAAAAGGG CACCGTGGAT GCTTGATTCT AGTGGTAAAT 480  
 TGTTTCGGTT CATTATTTTT CGTAAAAACA ATGGCTTCCC CGCATAATGC ACCTATCTkC 540  
 GTACCACCTA TATAAAATAC ATCACAATAT TTAGCGrTgt CTTTAATAGT CATATCTGAT 600  
 40 TGGTCACTCA TCAATCCATA CCCTAATCGT GCACCATCCA TAAATAATGG AAGCTGATAT 660  
 TGCTTACATA CTTTGCATAA CTCTTCCAAT TCTGaTTTAG AGTATAATGT GCCATATTCT 720  
 GTAGGATGAG AAATATATAC CATTCTGGG AATACCATAT GGTCTTTTTT AAAATCACTT 780  
 45 TTAAATGTCT CCATGTAAGT TTCAACATCT GAAGCACTAA CTTTTCTTTC CTTAGAGGGT 840  
 ATAGTAATTA CTTTATGTCC ACTATATTCA ATTGCACCGC CCTCATGCAC AGCAACATGA 900  
 50 CCAGTGTCTG CTGAAATGAC CCCTTCGTAA CTTTCTAACA TTGAATTAAT AACAACCTGA 960  
 TTGGTTTGTG TTCCACCTaC TAAAAACGA ATTGTAGCAT TTGGaCAGTC AATTGTATCT 1020  
 TTAATCTTTT CAATTGCCTG AGCTGTGAAT TGaTCAAAGC CATATCCCGA AGCTTGTACA 1080  
 55

	CAATTAAGAA CACATATTGA TGAAGAACT GGTATTAAAG CGACGCATGA AGAAGGAATT	2700
	CTACATCCAG TGGAAATTAT TGAATCTATG CAAAAGGTAT TAACTGATGA TACTACTGTA	2760
5	ACAGTTGATG TTGGAAGTCA CTATATTGGG ATGGCACGTA ATTTCAGAAG TTACAATCCA	2820
	AGACATTTAT TATTTAGCAA TGGTATGCAA ACGCTTGGTG TAGCATTACC GTGGGCAATT	2880
10	TCAGCTGCAC TTGTGCGCCC TAATACGCAA GTTGTGTCCG TTGCTGGCGA TGGTGGCTTT	2940
	TTATTTTCAT CACAAGATTT AGAAACGGCC GTACGTAAAA ATTTAAATAT CATCCAGCTT	3000
	ATTTGGAATG ATGGAAAATA TAACATGGTT GAATTCCAAG AAGAAATGAA ATATAAACGT	3060
15	TCGTCAGGTG TAGACTTCGG TCCTGTAGAT TTTGTAAAAT ATGCAGAATC ATTTGGCGCG	3120
	AAAGGTTTAC GAGTTACTAA TCAAGAAGAA TTAGAAGCGG CAATTAAAGA GGGCTATGAA	3180
	ACAGATGGTC CAGTATTAAT TGATATACCT GTAAATTACA AAGATAATAT CAACTTTCA	3240
20	ACAAATATGT TACCTGACGT ATTTAACTAA AATAAAGATA AATGTTAAAG AGGAGTGGGA	3300
	GATTTTATGA CTAATGTTTT ATACCAACAT GGTACATTAG GCACATTAAT GGCAGGATTA	3360
	TTAAAAGGAA CTGCATCAAT AAATGAATTA TTGCAACATG GTGACTTAGG TATCGCTACA	3420
25	CTAACAGGTT CAAACGGTGA GGTAATCTTT TTAGATGGAA AAGCTTACCA TGCAAATGAA	3480
	CATAAAGAAT TTGTAGAATT AAAAGGTGAC GAGTTAACAC CATATGCAAC TGTAECTAAA	3540
30	TTTGTAGCAG ATACAAGCTA TGAAACGAAA GATAAATCTT CAGAAGCAGT TTTTGCAGAA	3600
	ATTAAGGAAA AGATGTTGAG TGAAAATTTA TTTTCAGCAG TAAAAATTC AGGCTTATTT	3660
	AAAAAATGC ATGTACGTAT GATGCCGGCT CAAGAACCAC CTTATACACG TTTAATCGAT	3720
35	TCAGCTAGAA GACAACCTGA ACAAAGTGA ACGTATGTCA AAGGTTCACT CGTTGGTTTC	3780
	TTTACACCAG AATTATTCCA TGGTATCGGA TCAGCAGGAT TTCATGTACA CTTTGCGAAT	3840
	GATGATCGTA ACTTTGGTGG ACATGTCTTA GATTTTGAAG TAGAAGATGT TAAAGTAGAA	3900
40	ATCCAAAATA TAGAAACATT TGAACAGCAT TTTCCAATTC AAGATAAAGA TTTCACTAAA	3960
	GCAAATATTG ACTATAAAGA TATTGCAGAC GAAATTAGAG AAGCTGAATA ATGAATCCAG	4020
45	AAATATAATG ACGGTTTATG AAAATTGACT TCATAATGCG CGATTTAGAA ATGATAGTTT	4080
	GTAAATATGA TTAACCATGA CTACAATAGA ACAAATATAT TTATAATTAC GTCTAAGTAA	4140
	TAAAATAAAT CCCTTCACTA TTAGCAGTAG TGAGGGGATT TATTAGGTTT CAGATATTTG	4200
50	AGATTTGCTG TTATGTTTAG ATTATAAATT GTGGTACACA CTCATATAAA ATTTACTATT	4260
	GTATAGGCCA ATCTGTTACT ACGAGAAGCA AACAACAATA ATTTACAAGT TCAATAACTA	4320
55	AAAAGACAAA CGCCAATTTT TCAGCGCTTG CCCTATAAAA CTATTTTCAA ATTATTATTT	4380

TTAGCTTGCG GAGACCGTAC GATAGTGTTT TAATAATAGA TATTCAAGGG AAAGAGCTAT 900  
 CGGATGATAA CCAGATGATA ACTCAAGAAC CATGrTTTAA GAGTGTTATC AAAATAAGGA 960  
 5 GTGACTTAAT TGAAAGATTC TATATTTTGG AAGAAAGCTT TTATTyCTGT TTATTTTATT 1020  
 GTTGsGATGC TGGTGTCTTCT ACTTTTTAGG TTTTATATTA AaACAGATAA CTTTTCTATA 1080  
 TATTTAATGA GTATCTTCTT AATTTGTTTA GGAAGTCTT CTATCATTTA TAACTATAAA 1140  
 10 ACCAATCGAT AAATATAAGT ATGAAATGTA TAAGTCACAG TTAGATCTAA GTCTTGCTGT 1200  
 GGCTTTTTTAT ATCTCCATAA AACGACAAAT TCAAGCCCGA CATAAAACAG CATTTTCAGC 1260  
 CCACCATAAA ACGACAATTT CAGCCCCGCCA TTGACTAAAC ACCACATCCC AAAAATATCG 1320  
 15 TAACAATCCT CTACATCAAT CAATCCAACA TCCCTCATAA TCACAACGCA CAAAATCTAT 1380  
 TCATGCATTT TTGGAATACT TAGTATTACA AATAACGATT TTTATTCATC TAACAAAGGT 1440  
 20 TATATAATGT ACTGAAGGCA ATTTTATGT ATTACAAATC TAATCGTACA TGTAATAATTT 1500  
 TGATAAACAT CATTAAATTTT GCGTAACTAT CATTAGATTA CAAATCACAA AGTAATTACA 1560  
 TGTAATACAC ATCTATACAT CACATTTGAA GGGAAATGaa TATAAATGAC TGATAAAAAG 1620  
 25 TACACTGCAG CCGATATGGT TATTGATACT TTGAAAAATA ATGGGGTAGA ATATGTTTTT 1680  
 GGTATTCGG GTGCAAAGAT TGACTATCTA TTTAATGCTT TAATTGATGA TGGTCCTGAA 1740  
 CTTATTGTCA CTCGTCATGA ACAAACGCC GCAATGATGG CGCAAGGTAT TGGAAGATTA 1800  
 30 ACAGGCAAAC CGGGTGTAGT ACTTGTTACA AGTGGTCTTG GTGTAAGTAA TTTAACTACT 1860  
 GGATTATTAA CCGCAACATC TGAAGGGGAT CCTGTATTAG CGTTAGGTGG CCAAGTGAAa 1920  
 35 CGnAnATGAT TTATTACGAT TAACGCATCA AAGTATTGAT AATGCTGCGC TATTAAAATA 1980  
 TTCATCAAAA TATAGTGAAG AAGTACAAGA TCCTGAATCA TTATCAGAAG TTATGACAAA 2040  
 TGCAATTGCA ATTGCTACTT CAGGAAAAAA TGGCGCAAGT TTTATTAGTA TTCCGCAAGA 2100  
 40 CGTTATTTCT TCACCAGTTG AATCTAAAGC TATATCACTT TGCCAAAAAA CAAATTTAGG 2160  
 AGTACCGAGT GAACAAGATA TTAATGATGT CATTGAAGCG ATTAAAAATG CATCATTTCC 2220  
 TGTTTTATTA GCTGGTATGA GAAGTTCAAG TGCAGAAGAA ACAAATGCCA TTCGCAAATT 2280  
 45 AGTTGAGCGC ACGAATTTAC CAGTTGTAGA AACATTCCAA GGTGCAGGTG TAATTAGTCG 2340  
 TGAATTAGAA AATCATTTCT TCGGTCGTGT GGGCTTATTC CGCAATCAAG TTGGTGATGA 2400  
 ATTATTACGT AAAAGTGATT TAGTTGTTAC AATCGGTTAT GATCCAATTG AATACGAAGC 2460  
 50 TAGTAACTGG AATAAAGAAT TAGAAACACA AATTATCAAT ATTGACGAGT TCAAGCTGAA 2520  
 ATTACTAATT ATATGCAACC GAAAAAAGAG TTGATTGGTA ATATTGCTAA AACGATTGAA 2580

55

TCATTCTCAT CATATTCTAG GTTGTTTTTT ACAAATAAA TATAGTGAAT GCAAATCAAC 1800  
TATTATTTAA ATTATGAATT ATTTTAATTC TTTCTTCTAC GAGCCAATAA CATTAAATCCA 1860  
5 GCAATTCCAA TTATACTACT AAAGATCAAA CCTTTTTGCG TGCTTTCTAA ACCTGTTTTT 1920  
GGTAATTCTG CTCGTTTTTT CTCTTGATTA GCTACTGATT CTTTAGCAAT TTTAGATTTT 1980  
TTAACTTTAT CATTTTTATC CATTGAATGA ACTGGGCCAT TTGGTTTTGC TCTGTCTTTC 2040  
10 GATAATCCTG GATTGTTAGG ATTTACTGGG CCACTTGGAT GAGTTGGTCT GCTCGGCTTC 2100  
TCTGGGTTTT CAGGTCCTTT TGGATCTTTT GGTTTCTCTC CACCGAACTC TACAATCTTA 2160  
TCTACTGGTT GTTTtGTGAT CTCTTCTGTT GGTTGACCCT CGCCAACCTT TTCACCTGTT 2220  
15 AATGGGktCA CTGTGAWTGG TGktGTGAWT GTCyTACTTC CTGGktGTCC TTCTTGTTTT 2280  
ACTCGCTCTT CACCAGTTG TAAT 2304

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 433:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4733 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 433:

GTCTTAATAT TTTACAAGAT ACAGCCTGAC AATATTTATA TTACAAACCA ATATGGTAAA 60  
GAGGCTGTGT CTCGATTAAA AAGAATTTTA GAGCAAAGTA TACCTAATAA AGAATATATT 120  
35 GATTTATCAG AGATATCATT AATTACATTT TTAAACCAG AATATAATAA ACAACATGTG 180  
AATGAGGAGT TTAATTCCTT ATCTTCTTCG AAAATAAAGA ATTTAGCCAA AGAAAATGAT 240  
GGTATTATTA TTTATTTAAA TTTAAGGAT GTTAATTATC AACTGaTAaG TGAAGGCAAT 300  
40 ACTTTTTTTT CTGCAAAACC ATATTTGCAT TGTGTGTCA ATAAAGATAT TTAAATATG 360  
GATAAAGTTG ATATAGAAAA TTTTTTCAAA AGTATAGAAG TCAAATACAG TAAATAAGAT 420  
CAATTATTGA ATCCACCGAC CAGCAGATTT TTTAAAAAA TTAATACCCC GTTAATACCC 480  
45 TTTGCTTCAA TTTGATGAAA ATCAATGAAA TTCAAAATTG AAGAAATCCT TTAATATCAA 540  
GGTGACGAC AGTCTATATA ATCATGCGAA ATTCTAAAAT TTTcGAcGT AAAAAACAA 600  
ATTCyTAAAG CAGCTCGTCG TTCACCTCAA TTCTCAAAAC GTTAATTGTC GGACGATATA 660  
50 TATACAAAAC ACCTCGATGT TATGTCGAGG TGTTTTTTTG CGTTTGTGTG GGGAAATATGG 720  
AATAGAGTAT AAATGAATTA ATGTCTCAGG TATAGAATTA ATTCAACTAT GAATTATTGA 780

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 432:

	TTGTACGAAT ACAAAGTTGC ATTAATATAG AATCATTTAT GCTTTTAAAT ATCACAAAAC	60
5	AAATTGATTA AACTAGCTAA AATAGTCAAA ATTGGAATCA AGATTACATA AATATCATAA	120
	CCTCTAGATA TTAGTATACA TAATATAATT AGCGACCCTA TTATAATTGC TAAATTATAA	180
10	GCCAAACTAA TTTTATATTT CATTTCAATT CCCACCTTAA TAGCATTTAT TAAAATTCTA	240
	TAATGTTTAC ATAGACTTCT TAACAACTT TAACCCAGCT AAGCTAAGTA TTGAAATAAT	300
	TACACCTCCT AATATAAATA TATTACTTAA GCTTAGTAAA GGTATAATTA TACTTATCAG	360
15	TCCTAAAGAC AATGTATCCG CTGcATAATT CGaTGtAGAT GAGATACTAA ATACTTTCCC	420
	CATCAAATGA TTTGGCGTTT TTATTTGAAT GGCAACTGAT CTTGTTAGTC CCTCTATAGA	480
	TTGTCCAAGT CCCAATAATG TGCACCTAT ATATAATATC GCCACACTTG GAAACACATT	540
20	AATAATCGAT AAGCCAATTC CCCAACTAA AACACCAATA CTAAATTTAA AGATTAATCG	600
	CTTTTCTGAC AGCAAACCCA TAATCAATGA CATTAAATAAA GATGCTATAC CTAAACATGA	660
	TGTAGCTAGT CCATATACAC CAACGCCCTC TTTTAATATA TTGGAAATAA ACAATGGTAA	720
25	TACAACACGC CAAAGGCCAG TATTAATCAA TATGCAGGCA AATTGGATGA TTATAATAAA	780
	TGGAATTTCT TTAGATTGTT TCAAGAATTC CCAAGTTTCA GAAAAATCTT CTTTTGAGTG	840
30	TCTATCAATC ATGTTGTTAT TTGTATATTT TAAAAGTGCA TTAAAAATAA ATCCTAAAAA	900
	TAGCAATATA CTACAAATAA AAAAGACGCC AACATTACCA ACTAGTATTA CAATGACACC	960
	AATTAAAGCA GGTAATAATA TATTTGAGCC TCTTTGCAAA CTATCGATTA ACGCATTACT	1020
35	TGTTGCTAAA TGCTCCTCAT CAATAATTTT AGGAAGAATT GCCCTAAACG CAGGATCCGT	1080
	ATAGCAGTTA ATAATGGTGA TAGCTGTAGA TATGGTTAGA AGCGTCAGAT AATTTAAATT	1140
	TGATGTTATT GCAAGTAAAG GAATAATTAT TATAATCAAA CTTAGTATAA GATCAGATAG	1200
40	ATAAAGTATT TTCTTTTTAT TATGTTTATC AGAATATGCG CCACCGAAAA TACCAAATAT	1260
	AATAAATGGA AGTGTTTGAC TCATAACCAT CATTGATAAT TTTAAAGATG ATTGGTTTGT	1320
45	CAATTCAACA GTAAACCAAA TTATTTGTAA CGAAAACAGC ACAAACAAC TCCGACGTAA	1380
	GATATTACCA ATCAATAAAT ATGTAAAGTT TCTATTTTTT AAAACTTCTA AATACAACAT	1440
	ATTTATCACC TCTCATAAAA ATAATTGAAT GCATCCACCA GCTTTTTTAG ACCTTCTTCT	1500
50	AAACTCTCTT TATCCAAAGC GCAATTAATT CTAATATAAT TTAGTCAGTT AAATATCAAT	1560
	TATTTGAAA TATACATACT ACTTGAAACA CCATACATAA CCCCCAAAAT GACTACTCAG	1620
55	AGGTTATATT CTACTAATTA TGATTATATT AAATATGAAA ATATTATCAA AAAAATCAAA	1680

	TTTCCAAGAG AAGTTGCGGA AGTAATTAAT AAAACGCATC ATAATAAATT GGTCATTTTC	60
	ATGATTTTCGk CACAAATCGA TGCGGATAGA ATGGATTATT TACAACGTGA TCGGTATTTTC	120
5	ACAGGTGTAT CATATGGTGC TTTTGATATG GAGCGTATTT TAAGATTAAT GCGACCTTCT	180
	AAAGATGAAG TACTAATCAA AGAAAGTGGT ATGCATGCAG TTGAAAACCTT TATTATGAGT	240
	CGTTATCAAA TGTATTGGCA AATTTACTTC CACCCAGTTA GTCGTGGTGG AGAAGTGCTG	300
10	CTTAATAAATT GcTTGAAACG CGCAAAACAG CTTTATAATG AAGGCTATGA ATTTAAGTTG	360
	CATCCACATG ATTTTATTCC ATTTTTTGAA GAGACAGTTA CGATTGAACA ATATGTTGAA	420
15	CTCGATGAAG CGGTAGTTAC GTATTATTTG GAAAAATGGA CAAAAGAAGA TGATGCTATT	480
	TTAAGTGATT TAGCAAGTCG ATTTATTAAT CGAGACTTAT TTAAATATAT TCCATTTGAT	540
	GGCTCAATTA TTACAATATC AGAACTGCAA GAACTGTTTG AAGCAGGTGG TATTAATCCA	600
20	GATTATTATT TTGTGAGTGA AGCATTTTCT GATTTGCCAT ATGACTATGA TCGACCGGGG	660
	TCAAATCGCA AACCGATTCA TTTATTAAGA CAAGATGGTA CGATTAGAGA AATAAGCAAT	720
	CAATCATTAG TCATTCATAG TATTACAGGC ATTAATCGCC AAGACTATAA ATTATATTAT	780
25	CCTAGAGAAA TGGTTGCAAA GATTAAAGAT AAGACAATTA GAGAAGCTAT TGAAAATTTG	840
	ATTAATGAGC TTAATTAAAC AGGGCTAAAA TTGTTATCGT TAAATATGGA GGTATATCA	900
30	TTGTCTGAGA AAAAAGGCTT TAATTTTAAT ATCATAAAAA ATGACCCTCT AGATGGTCAT	960
	AAAGGTACAA ATATTGGTTC AATTAGCTTA GACAATATTG CACCAGTTTT TATCGATGTT	1020
	GCTAACAAAG AAGCATTTAT TGATATTGGA GGCATGCATG CTCGTGCCAA AGTTGAAAAA	1080
35	GGTGTGAAAT GGATTACTGA TAAAGCTGCT GTTGAAGGCG ATGAAGCTAA AGaATATTGG	1140
	TTGTGTTGGG TAACAACAGA ACGTAATGAA CAAGGACCAT ATTACGCTGG TTTAACAGCG	1200
	TGCTATTTAT TAGTGAATAA AGCAATTCGT CGTGTTATA AAAGTATGCC TGAACATGTT	1260
40	AATATGATGG ATAAATCAAT GAAACATCAT ATTATCATAG ATCAAATTGG TGACGAGAAT	1320
	AAAGCTATTT TAAAAGACTT TTTAATGAAC CATGATGAAG GTATGTGGAA GCATTCTTCT	1380
45	GATGCTTTAC ATCAAGCATT TAATTAAATA TTAGAACTA AAATTTCCCA ATTAATCTAT	1440
	AAAGATATGA TTCATTTCTC AATGAC	1466

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 432:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2304 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

AAACCATTGT TGTCAACTTG ATCTACAACA ACACCGTTCT TAACTTTTCC TGGCAATTTA 1020  
 ACTGCTTGTC TTTCAAAACT ATTTAGACTG ACAATATTCT TCATTTTAAC ACCTACATCG 1080  
 5 GGATAGTCAA TTTTACCTTT tGTTTCTAAA TCTTTTACAA TCTTTtGTAC TTCATTAAaCA 1140  
 GGtATTGCAA 1150

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 430:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 797 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 430:

20 AAGAATATTT AGGATTTTAT GTTTCGCAAC ACCCAGTAGA TAAAAAGTTT GTTGCCAAAC 60  
 AATATTTAAC GATATTTAAA TTGAGTAACG CGCAGAATTA TAAACCTATA TTAGTACAGT 120  
 TTGATAAAGT TAAACAAATT CGAACTAAAA ATGGTCAAAA TATGGCATTG GTCACATTAA 180  
 25 ATGATGGCAT TGAAACTTTA GATGGTGTGA TTTTCCCTAA TCAGTTTAAA AAGTACGAAG 240  
 AGTTGTTATC ACATAATGAC TTGTTTATAG TTAGCGGGAA ATTTGACCAT AGAAAGCAAC 300  
 AACGTCAACT AATTATAAAT GAGATTCAGA CATTAGCCAC TTTTGAAGAA CAAAATTAG 360  
 30 CATTTGCCAA ACAAATTATA ATTAGAAATA AATCACAAAT AGATATGTTT GAAGAGATGA 420  
 TTAAAGCTAC GAAAGAGAAT GCTAATGATG TTGTGTTATC CTTTATGAT GAAACGATTA 480  
 35 AACAAATGAC TACTTTAGGC TATATTAATC AAAAAGATAG TATGTTTAAT AATTTTATAC 540  
 AATCCTTTAA CCCTAGTGAT ATTAGGCTTA TATAACTTTy ATCAACTAAT AAATTATGAT 600  
 ATAGTAAACT GATGGTTAGA TATTTyTAA CCATCAGTTT GCGTktATAT TAGTTTTTTA 660  
 40 TGCTTATTAT TTTTATGAGT TTCACTTTAC ATTATTGATT AATCCATAAG AATAATTAGC 720  
 ACAAAAAGCA GTATACATAA ATTGAGTAAA GAATTTTGTC GATATAACCG nGCGGAAAAA 780  
 TAATAACnTT TTGGATn 797

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 431:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1466 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear



	CATTTCAAAA AATTTGAAGA TGATTTTAAA AATGCGGCAC AAGGGGCTTG GGTGAAAAAT	420
	GCCACAGACG AATTAAAAGA TATTAGTAAT GATTAGAAA AAATTCAAGA TATTAAAGTA	480
5	TAAAAAGGTA TTAAGAAACA CAATAAGTAT ATAATCCATT TAATAATAAA TGAATTATAT	540
	AGTTCATAAT TTCGACTATA AGTGGCTATT AGCCATTATT TTTCGGGATC TATGTCAAAT	600
10	CGGACTAATG AATTCAATAA TGGAAGTTAA GCAACCAATC TTTGTTTAAAC TTCTTTTTTA	660
	TTTTTTGGAA AATAAAGTTT TGAACATAAT AAAATTTGAT TATGTTTAA CGAATTTTGA	720
	TGTTTCTTGA ACTATATATC ATCTAGTCGT CATTTACAAT TGGTAAATAT GACTTCAAAC	780
15	TGKATGAAGG TGATGGCGAT TAAAAGGCTC ATCCGTAGGT TCTAAAGAAC TAGAATTT	838

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 429:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1150 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 429:

	nGTGTTCAAA TAATAGAATG GCTAATACCC CAACAATAAA TAGGAATAAA TATGTTGATG	60
30	TCGTAATTTT AGTAAATAAT GAAAATCTAA AATTAGTAAC CCTATTTTGA ATATAAGCTT	120
	TAAC TTCTAA TAATACTGGG AAGCCGATTG ATCCTAAAT TATTAAAAAT ATA ACTATCG	180
	CTTG TACAAA ATAATCATGT GCATAAGGAA TTAATGACTT ACCTGTAATA TCTAATCCAC	240
35	CATTGGTAGT GGCAGAAATA GAAACAAAAA CACCTTGCAT GATTGCATAT TTAAATCTG	300
	GATTATCTCG ATAAAAGTAA AATGCTAATA ACATGGCTCC TACGAGTTCG ATTACAAATA	360
	TTGATTTTAC AATATCAATA ATCAATTTGA CGGTACCACT CATTGTGTTT TTGTTATTAT	420
40	CTAACATAAT TAACTGACGT TCTCTAATTC CAATATGTTT ACCTAGTACC ACCCATAACA	480
	TCGTACCAAT TGCCATGACG CCAATTCCAC CAATATTTAA TATCAGGAGG ATAATTAATT	540
45	GTCCAAATGT AGAATAGGTA TCGACAATAC TTATCGGAGA CAATCCAGTA AACTAATTC	600
	CGGATACGGC AACAAATAAT GTGTCAATTG GATTTACTTC TACACCTGGT TTATGAACAT	660
	ACGGTAAGTT TAATAATAAA AATGCAATGA CAATTGCGAC GATATAGTAC AATACAATAC	720
50	CTTGTTGAGG GCTTGATCTT TTTAAAAACT GGCTAAAAAT TGACACGTTG TTCACCTCAA	780
	CATTATTTTA GTTTAATATT AATTTCTTTC TCTTTACCAT CTCTATAAAT CTTCGCTGTA	840
55	ATTGATTTCA AGTCATCTTT ATGACTAAAT ATAATCTGCC TAAAGCGTAA ATCATCTTCT	900

CCCTGTTTCT TAGCCTTTTC GTATATGCGT TCATAAGAAG AATTCTTTT GATTTCAGAT 120  
 TGTAAAGCAC TGTTTTCACT TGATTGTTTA TCTATTTTAT AATCTAAATC TGCAATCTTT 180  
 5 CCTCGCGTAT CATACGCATC CATTTTTTAA GATAGCATAT AAATACTTAA CATAGCAATT 240  
 ACAGTAATCA AAGTTATGTA TAAACTTTTT TCAAATTTAG TTAATTGTAC AACCACTTTT 300  
 CTCGAAACAG TCTTCTTTTC GGGCTTAGTT TGTGGTTGTT GCTTCGGTAT ACTATTATAA 360  
 10 ACTTGTTTCGT CATATGGTTG GTACACTTTT TCTACAGCCA TTATAAATTG CTCCTTATTT 420  
 AAGTATTTCA GCTACACGTA ATTCGCGCT TCGTGCTCTG TTATTGTCAT CTAAATCTTC 480  
 TTCTGTAGCG GTAATCGGTT TACGATTAAAC ACGCTTTAAC TTAGGTGTAT ATGCTTCTGG 540  
 15 TATACTGGT AATCCTCTTG GTACCTCTGG ACCTTTTTCA TATTCTTGA ACACCTGTTT 600  
 ACATAAACGA TCTTCTAAAG AATGGAAAGT GATTACCGAA ATCCTGCCAT CTACTTTCAC 660  
 TAATTCAATC GCTTGTTCTA TTGAATCTTC AAAAGCTGAC AATTCATCGT TTAAGTCAAT 720  
 20 TCGTAGTGCT TGAAATACTC GTTTTGCAGG ATGTCCGCCT TTTCTTCTTG CTTTTGCAGG 780  
 AATACCTTCT TTTATAATGT CAACTAATTC TAATGTTGTT GTTATTGGTT GTTGTTTCGG 840  
 25 ATGTGCTTCG ATTCTTCGAG CTATCTGTTT TGAAAATTTC TCCTCGCCAT AGCGATAAAA 900  
 AATCTTCACT AACGCTTCAT ATGACCAATT GTTAACAATT TCATATGCTG TTAGTTCCTG 960  
 TGTTTGGTCC ATACGCATGT CTAATGTTGC GTCATGGTGA TAACTGAATC CTCGTTCTGG 1020  
 30 AATGTCGAGT TGTGGGCTTG AAACACCCAA GTCGTAATAA ATTCCATCTA CTTTTTCAAT 1080  
 GTTTAAGTCT TTTAATATTT GAGTTAATTC ACGGAAGTTG CTA 1123

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 428:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 838 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 428:

TATATCCTCC AnACCATAAA AATGGAATTA TAGTGAAGAC CGCTATGATC CAGGATGACC 60  
 45 ACGTATTATA GAATCTTTCg ATAGAGAAAC GAATCaACGT ATCCgACATC aCGAAATGAA 120  
 ATTAGAAGAT TATAAAGATG AGTTAAGAAG AGAATATCTA AAACAATCTG ACAGAATTGA 180  
 AGGAGATGAA TAAGCGTGGG ACTTGATTTT AGTGGTTTAC CAGATTTAGC AGTATTGGAA 240  
 50 CAAATGAAGG AAAAAGAACA GATTAGTGAG GTTATTGCGC CTGAACATGT TCGTATGCAT 300

	TATCCCTACA ACACGCATTG AGGCAGAAAT AACCATCGCT ACAATAACAA TAAATAAAAA	2100
	TTGAATCCAT TTAGGAATGC CAATGACTTT ACTATATTCC TCATCAAATG ACAATATAAA	2160
5	TAATTCTTTA TAAAACAATG TAATAAACAG AACAACTATG ATGGCAATGA CAATAATCGT	2220
	TGTTAAATCA CTTATATTCA CTGCGCTTAT TGAGCCAAAT AGCAATCCAA CAATTTCTTG	2280
	ATTGAACCCA TCAGCTAATG AAATGAAGAT TGCACTCAAG GCGATACCAG CACTCATTAT	2340
10	AATTGGAATA GCAATTTCTT GGTAAGCAGT GTATGACGTT CTTAATTTTT CAATTAGAAG	2400
	CGCACCTACT ATTGCGAATA AGATTCCAAA CCACATTGGA TTAATAAATA CTAGTGTG	2460
	CATAATAGTA AGTAAAAACA TACCGAAAGA TATACCACCT AAAGTTACAT GACTTAGAGC	2520
15	ATCAGCTWTA AGTGATAGTC GTCTAACAAc GATAAAAGCA CCGaTTAGAG GCGCAATAAA	2580
	ACCTAtCAAG ATaCCACTAA TTAAAGAGTA CCTCATAAAA TCAAAATTCA ATAATGCATC	2640
	TATCAATTGT GACACGCCTT TCCATTTTAA ATAAACTCAA ATCTTTATTA ATTACAACAT	2700
20	TCTCGATTAT GCTGATGATC GACAAAACGT ACAGGATGTC CATAAATTTT TGAAATTTCA	2760
	ACTTCATCAA GTGATTTAAA CTCATCAGTT GTACCATGGA AATGCAAATG CTTATTTAAA	2820
25	CATGCTACTT CAGTAGCAGT ATCTGCTACA ACACCGATAT CATGAGTAAC TAAGATAATG	2880
	GTGATACCTT CTTGTTTTAA TTGATCTAAA GTATTATAAA ATTCACTTAC ATGTTTTGCA	2940
	TCAATACCAT TCGTTGGTTC ATCAAGTACT AATACTGcAG GTTCTGAAAT CAATGCTCGA	3000
30	GCAATCATTa CACGTTGTTG TTGACCACCT GATAATTCTG CTATATTTTT ATGAATTAAA	3060
	TCACTTATAT TCAGTCTTTC TAGTACTTTA ATCACTTTTT CATTATCTTT GCTATTAAAT	3120
	GTTTGGA AAA GACGTTTTGT CTTTGTTAAT CCGCTTAAAA CAACTTCTTT AACACTTGCT	3180
35	GGGAAACCTG AATTAAAGGC ATTTGCTTTT TGTGATACAT AGCTTAATTT AATTGATGTT	3240
	TcTTATTTTT AAAATCAATA CCTCAACAA AAATCTCACC ACTTTGTAAA GGTAATAACC	3300
	CTAGAATCAA CTTCAATAAT GkTGATTTAC CAGCACCATT TGGkCCAACA AwTGctAAAA	3360
40	ATTCACCTTT ATTTATTTTG AATGnnnTAT ATT	3393

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 427:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1123 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 427:

ATGTGAGCCT TGTGCGATTT GTAAATAACC TAAACGTAGT ACTAGTACTG CAAAAATAAA 300  
 TACAATCACA CCAAATATAA AGTTAATTCT CTGTGTAATT GTATTTTGAA CGATTTTCATC 360  
 5 ATTTGATTTT TCTTTTAGTC TTTTAACAA AACTACCTAC CTCTATTCAA AGTCTTTCAC 420  
 TTTAAATCAT ATATGAATTT AGAAATTATT TCTATCTTTT TGACAAAAAA ATAACGGTCT 480  
 CATTAAAGAG ACCGAACAAG TAATCATACT TTATTTTGTT GCATTATATA ATTTCGTCAAC 540  
 10 TTTTCCAG TTAACATCAT TCCAAAATGC GCCAATGTAG TCAGGGCGTT TGTTTTGATA 600  
 TTTTAGGTAA TAAGCGTGTG CCCATACGTC TAAACCTAAA ATAGGTGTTT TACCCTCAGT 660  
 TAATGGATTA TCTTGGTTTG GTGTAGTCAC AATTTCTAAC TGGCCATTGT TTACGACTAA 720  
 15 CCAAGCCCAA CCTGAACCAA AGCGTGCAGC TGCTTTGTCA GCAAATTCTT TTTTAAATTC 780  
 TTCTAAAGAA CCCCATTGTT CTTTAATTTT TTCTACTACA GTACCTTTTT CTTCTGAGTT 840  
 TGGTGAAAGT AACTCCAGA ATAATGAATG GTTTAAATGT CCACCGCCAT TATTACGTAC 900  
 20 AGCAGTTTGG ATGTTAGCTG GTACACTGTC TAAATTAGCA ACAATTTCTT CAATAGATTT 960  
 AGATTCTAAA TCTGTACCTT CTACTGCAGC ATTTAATTTT GTAACATACG TGTTATGATG 1020  
 TCTGTCATGG TGAATTTCCA TAGTTTCTTT GTCAAAATGT GGTCTAATG CATCAAATGC 1080  
 25 GTATGGTAAT TTTGGTAATT CAAAAGCCAT AAATAATCAT CCTCCTAAAA TGTCTGTAAG 1140  
 TAAATAATAA CAAGCAGTGA CTGGTTCAAC AAAGAATTTG CTTAAATTCT ACTACTTATT 1200  
 ATTTTCTCTA CTCATTTAAT ATAACTCAAA TCAAAAATAA TTAAACATTT TGTATATAAA 1260  
 AAGTTAACAG ATTTGCCATA AAATCATACG AACGGAGTAT GAAATGAACC TTTATCTTCT 1320  
 ATAATTTAAA AAATGAGATT TATGCATACA TCGGACCAA TGTGCATAAA TCTCATTTCT 1380  
 35 TTATATTAAAT CTGGCAAGA CTCACATACA CCATAAACTT CAAGTTTGTG TTTGTGAATA 1440  
 TTAACACCAG GTAGTGATAA TTTTATCTGA TCTATTGGAC AATAATCTAT TACCTTTGTA 1500  
 TCTCCACACT TTTCACAGAT AAAATGATGA TGATGATGGT TTGTACAAGC GATTCTAAAC 1560  
 40 TTCATTTTAC CATCAAGTTC TGTATTTTCA ATAATTCCTA AATCTTTAAA TAAGTGCAGG 1620  
 TTTCTATATA TTGTGTCGAA TGAAATTCCA GGATAATTTT CATCCATAAC TTGTTGTATA 1680  
 TACTTTGCGT TTATATACTT ATCTTCTTCG AAAAAATAT CTAACATATC TTTACGTTTA 1740  
 45 TCTGTATATT TTAAACCGTT CTCTTTTAAA ATTTTAATAG CATCATTTGT ATTCATTGAT 1800  
 ATTAGCTCCC TTTTAAACT TCATTGCGAT TTTCTGATAA GCCATTGTAA TCATAAGTAA 1860  
 AATAACAAGT AGAACTACAA TTACACCACC CGGAGAAATG TCCATATAGA AAGCTAGGAC 1920  
 50 TAAGCCTAAT ATTACTGATA ATTCACCTAA AAATACACTT AGTAATATCA ATTGCTTAAA 1980

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 425:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 425:

AGAACGAACC TTAAATACGT ACGTGTGAC CACGAACTGT CATGACAAAT TGATAAAACG 60  
 AATAGTTTTT CATTAGTTCA TTGTCACATC AATCACTTTT GTkTCACCTT TAATCACAGC 120  
 ATTTTCATCA TAAATATTAA TTGAAGCTGC TTGATCAGTG TTAGTAATTA TAATTGGTGA 180  
 AATTACAGAT TTAGCGTTAT TATTAATATA TTCAAGGTTG AATCTTACTA ATGGATCTCC 240  
 GACGTTAACT TCGTCACCAC TAGACACTAA CACTTCAAAT CCTTCACCGT CTAATTGAAC 300  
 TGTGTCTAAA CCGATATGAA CTAATAATTC TAATCCGTTA TCTGCTTTTA ACCCAATCGC 360  
 ATGCTTAGTT GGAAAGACAT TGTCAACAGC TCCTGCAATT GGAGACACAA CTTCTCCTTC 420  
 AGTTGGATTA ATACCAAAC CTTCGCCCAT CATTTTTTGT GCGAATACAG GATCTGGAAT 480  
 ATCTTCAATT TTCACGAATT CTCCAGTTAA TGGTGCATAA ATTGCGATAT CTTTCTGAAC 540  
 TTCITTGCCT TTTCCGAATA ATTTTTTAAA CATACTTTCC ACTCCTACTT ATCAAAATGT 600  
 GATATTAAAT CGCCATAACC CAATTCTTCT AACTTTTCAT ATGGAATAAA TTGAATTGCA 660  
 GCGGAATTGA TACAGTATCT TAAGCCGCCA CTTTCTTTAG GTCCATCATT AAAGACATGT 720  
 CCTAAATGAC TATTTGATTC TTCTGAACGC ACTTCAGTTC TCAACATACC AAATGATTTG 780  
 TCGACTAATT CTATAA 796

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 426:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3393 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 426:

ATCCAGCAAA TCTTTCTTAT CACGTTCTGT AATTTTCTTA GTATCCATCT TGATTAGCTT 60  
 TGATAACTTT TCAGCCGTAT CCAACATTTT CGATTGTGTT GTTTTTCGAC CCCTAGTATA 120  
 TGTAATAGCC ATTTTAGAAG CATTATCAAC TAAAACTTTC CCATTTCTGT CTAAAATACG 180

EP 0 786 519 A2

	TATGACTCGT	GAAAATTTAG	TGACATGAAT	AAAAATGTTG	AGGCGTCATT	GAGTATAAAG	1560
	GAAAGTAGTT	CTGCATTAAT	CACGAaGTAG	AGCATGACma	CGAGGAATAA	CTATAGGGaG	1620
5	ATGGTTTTGG	AATGACGatG	TCTTGTATCA	ACATGGTACA	TTAGGTACGT	TAATGGCTGG	1680
	CTTACTAGAA	GGCACAGCTA	CAATTAATGA	ATTGTTAGAA	CATGGGAATT	TAGGGATTGC	1740
	AACGTTAACA	GGGTCTGATG	GCGAatAATA	TTTTTAGACG	GAAAGGCATA	TCATGCTAAC	1800
10	GAGCATAAAG	AATTTATAGA	ATTAAAAGGC	GATGAGAAAG	TACCGTATGC	ATCGATTACT	1860
	AATTTTAAAG	CGAGTAAGAC	ATTTCCATTG	CAACAATTAT	CACAAGATGA	TGTATTTGCA	1920
	CAAATTAATA	ATGAAATGTT	AAGTGAGAAT	TTATTTTCGG	CTGTTAAAAT	TTATGGCACA	1980
15	TTTAAACATA	TGCATGTACG	AATGATGCCT	GCTCAGCAAC	CGCCATATAC	ACGTTTGATT	2040
	GATTCAGCAC	GCAGACAACC	TGAGGAAAAA	AGACAAGATA	TTCGTGGTGC	CATTGTTGGA	2100
	TTTTTTACAC	CAGAATTATT	TCATGGCGTA	GGGTCTGCTG	GTTTTCATAT	ACATTTTGCG	2160
20	GATGATGAAA	GAGCTTATGG	TGGACATGTT	CTTGACTTTG	AAGTGGATGA	CGTTGTCGTT	2220
	GAGATACAAA	ACTTTGAAAC	ATTCCAACAA	CATTTCCCGG	TAAATAACGA	GACGTTTGTT	2280
	AAAGCGAAAA	TAGACTATAA	AGATGTGGCA	GAAGAAATTA	GAGAAGCTGA	ATAGTCTAAT	2340
25	ATAATTAATA	GACCTTAGCG	ATATTAGGAA	CAGGTGGTTC	TAAATGCATC	GTTAAGGTCT	2400
	TTTTATATTA	TATATGTGCT	TACATATTTT	GTTGATACGC	GCGTAAAAAG	CTATAAATAG	2460
30	TATCAAGATA	TGGGGTGTCA	AGAATGTGTT	CACGTGCACG	TCGATAAATA	AAGCCTTGAA	2520
	TCGCTTCGAC	TTCAAGAGGT	TGCTGATGCG	CAATGTCGTA	ATACATGCTC	GTTCCCATTT	2580
	CGTCGGGATA	ACCTTGATAT	ATAGTCATAA	TAGTATCGAC	AGTTTGTTCT	GAAAAGTTTA	2640
35	ACCCCTCTGC	CTGTGCAACA	CGACAACCAT	CTAGTAATAG	CTGTCTACAC	AGTGACGTA	2700
	TTTCAGGATT	ATGCATGATT	GCAACGGTCT	GTCTACCGAG	TGCTGTGATA	GAATTAATGC	2760
	CCAAGTTAAC	TAACAATTTA	TACCAAATAG	CTTGTTGAAT	ATTTGCTTCT	AATACAATGT	2820
40	CGATTTGACT	GTCTTGGAAC	AAATCTCTAA	ATTGTCGAGT	TAATGCATTA	TCTTGTATAC	2880
	GTAATTGATA	ATCTCTGAAG	TGCGTAACAA	CATCGCCTTT	CTTTTGACCA	CTTATATAGA	2940
	CAACTGCTTG	GCATACGTTT	TTAAATGAAA	TATGTTTCGAG	TTGACCATAA	CCATTTTGGG	3000
45	CTAAAATGAT	GAGCGTGTCC	TCATGTGCAA	GATGAGTTAA	ATGAGGAATA	ACTGCATCAA	3060
	GTTGATGTGT	TTTGACTGCA	ATAATAATAA	CATCAAATGT	GTTTGTGACA	TCTTCATAAC	3120
	CTTTCACAAC	AATATCTTGT	GCAGGTGCAT	GTGGTACAGT	ATAATATGTT	ATTGTTTTGG	3180
50	CGTGTCTCCC	GATAAGCGTT	GTATGAGGCA	ATGATTGTTG	TAATTCATAG	GCAATAGTTG	3240

55

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3264 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 424:

```

10  TGGACCTATA AAATGGATGC ATCCAAATAT GGATGnGGGG TAnGGCGGGa AAATAGGaGG      60
    TTATATAGTA AGTCATTTAA GTCGAATAGC CATCCTTTTT AAAATGAAAA AAATAGAAAG      120
    CTCAATAGTT TGTTAAAGCC TTAAATAGC GTCGTTACGC AATTTTAGAA TGCTAAAAAT      180
15  TGTCACAAAT TTCAAATTAC GTGCTAAAGC TTGAGATATC AATATTTATT GGCGATAGAG      240
    TGTAATTTGA CTCCGCTTAC ATCTCAGTTT TATGTTTGTA ATTTGGTAGC ATAATATTAT      300
    AATAAAATAA AATTGTTAAT CTTTAATTTT AGTATAGATA TTTTACGTG TAGTCACGTG      360
20  TAAAATAAAT TCAATTAGGT TAGGAGACAT AATTATGAAA ACATTTGGTA AAAAGGTTGT      420
    ATTAATCGGA GATGGATCTG TAGGATCAAG CTATGCCTTT GCAATGGTTA CGCAAGGTGT      480
    TGCTGATGAA TTTGTAATTA TTGACATTGC AAAAGACAAA GTAAAAGCAG ATGTTCAAGA      540
25  TTAAACCAT GGTACAGTCC ACAGTCCTTC ACCAGTTGAT GTGAAAGCAG GTGAATACGA      600
    aGaCTGTAAA GATGCAGATT TAGTTGTTAT TACAGCTGGT GCACCTCAAA AGCCAGGTGA      660
    AACACGTTTA CAATTAGTTG AAAAAATAC TAAGATTATG AAGAGCATCG TTAAGAGTGT      720
30  TATGGATAGT GGCTTTGATG GATATTTCTT AATCGCGGCA AACCCTGTAG ACATTTTAAC      780
    AAGATTTGTA AAAGAATATA CTGGATTACC AGCAGAGCGT GTTATCGGTT CAGGTACTGT      840
35  ATTGGACAGT GCACGTTTAC AATATTTAAT TAGCCAAGAA CTTGGTGTTG CACCTTCAAG      900
    TGTTGACGCT AGTATTATTG GCGAGCATGG TGATACTGAA CTTGCAGTTT GGTCACAAGC      960
    AAATGTAGCA GGTATTTTCA TATATGACAC ATTAAAAGAA CAACTGGTA GCGAAGcTAA      1020
40  AGCGGAAGAA ATTTATGTGA ATACACGTGA CGCTGCTTAT GAAATTATCC AAGCTAAAGG      1080
    GTCAACATAC TATGGTATTG CATTAGCATT GATGCGCATT TCAAAAGCCA TTTTAAATAA      1140
    TGAAAATAAT GTCTTAAATG TTTCTATACA ATTAGATGGT CAATATGGTG GTCACAAAGG      1200
45  CGTTTACCTA GGTGTACCAA CATTAGTTAA CCAACATGGC GCAGTTAAAA TTTATGAAAT      1260
    GCCATTAAGT GCCGAAGAAC AAGCGTTGTT CGATAAATCT GTTAAAACAT TAGAAGATAC      1320
    ATTTGATTCA ATTAAATATT TATTAGAAGA CTAAGCCTAT TTTAAGTATT AATTAGAAAT      1380
50  ATATTAATGG TAAGAGGATC TATTAGTGTG GCAGTAACAC GTGGCACTGA TAGGTCCATT      1440

```

GGGTTACTTT GATGAAAATG ATTGAAGTTG ATAGAATTAA TGACGTATCT TGTGTATAAT 360  
 ACCTACGAAG TACTTTCATT GGAGGAAAAA TAGTGACTCT ATTTATTATT ATCGGGGTTT 420  
 5 TCGTGCCAAT GGTTTATACC ATGCAGTTAA ATATTAAAAA TGAACCTGTa ACAAAGCGCA 480  
 ATCTTTTAAT AACATTAGCT TTATCTACGT TAGGTATTTT AGTAACCGCG TTAGCAGGTG 540  
 TAATCGTTAC GAAACAAGCT TTTCTTTTAT TAAGTGTAGC AATTGGCTCA ATTTTACTG 600  
 10 GAATCGTTTG GGGCCTTTTA CTAAGTGGTA GcTACGCGCT GATACGATTT TTATCTAACG 660  
 CATTTGGGCG TAAGTAATAG TAATCTGTTC ATCAAGTAGT ATCCGTGCTT GAAAACAAAC 720  
 TAAAACTCCT AATGTGGAAC TAGTTAAAAA ATTCTAACT AGTACATTAG GAGTTTTGTT 780  
 15 ATGCAGAATA AATTTAATTG TTAAATTGAA AGTGCGGTAA AAATCCACTA TTTATTTGAA 840  
 AAAAATCGAG CAACCAAATT AAACCTTGAT ATCCTAAGTA AATACATAAT AAAACAAGTC 900  
 CGACATAAAT TAAAAATCGC AAAATAGAAA GTCCAACCTCT AAAAAGGAGG ATGACTAATA 960  
 20 GTGCTATTAA AATAATTGt AGTATACTCA ATGCTACAAA CCTCCTaTA CGCTTTTAAA 1020  
 TCCATAA 1027

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 423:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 569 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 423:

CGGCACATTT TTAATTTATA CATATTTTAA AACTAAGTAA CAGTTTGAAG AAATCGTAGT 60  
 TCAATAATGT TAATTGTGAA AATGTATATA AACATAAAAA AATCATGTAT AATATATGTT 120  
 GTTAATTAAA CAGTTCGAAA GCGAGATGAC ATTATGGGAC GTAAATGGAA TAACATTAAA 180  
 40 GAAAAAAGG CCCAAAAAGA TAAAAACACA AGTAGAATAT ATGCGAAATT TGGTAAGGAG 240  
 ATTTATGTTG CAGCAAAATC TGGTGAACCC AATCCAGAAT CTAACCAAGC TTTAAGGTTG 300  
 GTGCTTGAAC GCGCTAAGAC ATATTCAGTG CCGAATCATA TTATTGAAAA AGCAATAGAT 360  
 45 AAAGCTAAGG GTGCTGGAGA CGAAACTTT GATCACCTAA GATATGAAGG ATTTGGCCCA 420  
 AGCGGATCAA TGCTAATTGT TGATGCGTTA ACAAATAATG TAAATCGTAC TGCCTCTGAT 480  
 50 GTGCGAGCTG CTTTGGTAA AAACGGCGGT AATATGGGTG TATCTGGATC AGTTGCTTAT 540  
 ATGTTGTCAT GTGGCCACAT TTGGTATTG 569



GTGTTTTATC TCAAGATGTG TTA CTCAAAA AGTTATAGAA GAAGCTACTA AAGTTAAAAAC 1680  
 AGAGATTGAT ACTGCAGAAG ATAACTGTAT CTCTCCATCT ACTGTAAGTC GTATTAGAAC 1740  
 5 TAAAGCGGCT AATTCATTAC GAATTAAACC CTTTAATTGT TTGCCAGAAC ACATCGCTAT 1800  
 GGATGAATTT AAAAGCGTTA AAAATGTAAC TGGATCAATG AGTTTCATTT TTATAGATAA 1860  
 TGATACTCAT GATGTTATAG ATATTTTAGA AAATAGAACT ACAAGATTCT TCGTGCCTA 1920  
 10 TTTCGAGCGA TTCGATTAA AAAATCGACA ACAAGTTAAG ACGGTTACTA TTGACATGTA 1980  
 TGAACCCTAT GTCCGATTAT TTCGCGACCT ATTTCTAAT GCAGCTATTA TTTTGACAG 2040  
 ATTCCATATC GTTCAACATT TAAATAGAGA ACTTAATAAG TATCGTGTAC AAGTTATGAA 2100  
 15 TGAATACCGT AATAAAAAAG GACCTGATTA TACAATTTTT AAGAATAACT GGAAAGTCCT 2160  
 ATTGATGGAT ACTAGTAAAA CCATATTTAG TAAATACAGA TGAATAAAT CTTTAAAGGC 2220  
 TTATAAACGC TCATCTGACA TTGTAGAATT CATGCTTTCA AAAGACGATA TACTACGACA 2280  
 20 CTCTACGAA CTGTCCAAG GATTACGAAA AGACCTAAGG TTATGTAATT GGCCTAAAT 2340  
 TATTAATCGT TTAAATTCAG TTAGTAAAA GTCTGTGAGT AAGGGTGTAT GGAAAGTGGT 2400  
 TAAATATTAT AGAAAACATC AAAGGATGTT AAGAAATACA ATTTATTACC CAGCATTAA 2460  
 25 TAATGGTGCT ATAGAAGGAA TTAATAATA GATAAAATTA ATCAAGTGAA TTTCTTTTGG 2520  
 TTACAGAAAT TTCAACAACT TTAAGCAGC TATAATGATG aTTTTCAGCT TGTACAAAGG 2580  
 30 AGaAAAAAAG AAGACAACCA AGCCCAATAA TGGACTGGCC GCCTAATAwA nGGGskCTAA 2640  
 AAGTTgTATT TTTAAAAATA GTTCCTTTAA ATTATATACC ChCCACATTT GGGGGAGGAC 2700  
 CTAAAAAAGC 2710

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 422:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1027 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 422:

45 CATTTTAATT GtTaAAATTC CAAAAAAtGT ArGTGGATTw AAAGrAAACC CtGTGTTTTT 60  
 AAAAGGtACC ATTaAAATAg TTCCGATTGT ACCATCCCAC GTGAAAtTTT TAgtAtTGCC 120  
 50 GGTGaGAGAA AATGCCAATG CAATCATCGC AGTTCATAAT CATCCATCCG GTGATGTAAC 180  
 GCCCTCACAA GAAGATATCA TAACAACAAT GAGGTGAAG GAGTGTGGTT TGATTTTAGG 240

55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 421:

	AATTCCCCCT TTTTCCCCAT CCATTTTnCC ATCCACTGGT CCTTACGGGA CCATATTATT	60
10	TnAAATTGGA nAAAATTATt TTAAAGaTTA TwACTACTCT TtAATCATTT TrGTGAATTa	120
	AAAAAAGTAG TGCAAAAAGC AAAATATACT TTATACACTA CAAATCATTT ATTTATAATA	180
	AAGTTTCACC AAAAAATGTT CCAACTAATG AAACCGCTTG TTCAGCAGTA TGATTATTAC	240
15	TGTCAATCAA TGGATTTACT TCAACTAAAT CCATTGAGGA AATTAAATGT GATTGATGCA	300
	GTAATTCCAA TGCAAAATGG CTTTCTCTAT AACTAAGACC ACCCAAACT CTAGTACCAG	360
	TGCCTGGCGT TTCAAGCGGA TCTAAAGCAT CAACATCTAA AGATAAATGA ACGCCATCAA	420
20	CATTGCGTGA CTTCAAATAT TCTATTGTAT TTTCAATTAC TTCCTTTATC CCCAATTTAT	480
	CAATATCTGA CATAGTAAAT GTTTAATAT TATGATCTTT GATAAATTGT CTTTCACCTT	540
	TATCTAAATC TCTCATACCA ATTAGTACGA TgntTTCTGG CTTGATTACA TTACnATTTA	600
25	ATTCTAAAAG TTCTTTGGGA CCTTCGCCTG TCAAAATCCT TAGAGGCATA CCATGAATAT	660
	TTCCACTTGG TGACTCTTCA GGTATATTTA AATCACCATG TGCATCATAC CAAATAACAC	720
	CTAAATTATT ATAATGTTTA CTTATTGCTG ATACTGAACC TACCGCAATA GAATGATCTC	780
30	CACCAAGAAC TAGAGGAAAT CTGTTATTTT CAATTGATGC TGAAACCTCT TTATTTAATT	840
	TTTGATTAAC ATCTATAATT TCATCATAAT TTCTTAATCC TTTTGTTCa CTATGAAATT	900
	TTTCAATGTT CACAGCAGGt ACCTTAATAT CCCCCTTGTC ATATACATCA AGGTCTAATT	960
35	GCTTTAATCT TGAAATTAAT CCAGCATATC TAATTGCTGT TGGTCCTAAA TCAACACCTA	1020
	ATTTTCTTTG TCCAAATGTT GATGGTGCAC CTATAATATC AATTGCTTTT GTCTTTGTCA	1080
40	TAAGCGTCCC CCTTTGCTCT ATGTAATTAA AGAATAATGT ATGCGCTTAC CATTATCAAG	1140
	CAATAGCTAC ACATATAATC TGTTTATCTT ATTACTTCAT AAAAAAGGT TCTTCATCTT	1200
	TTATGGTGGG AAGGTAAAAC TTCCTGCTTT TTTAATACA CAAAAGCGC AATTGCCTCT	1260
45	ATAATTTAAA GTGACCAAAC CCAAATAAA GGAGACAAAG GCGCCTATGT GTAATGATAC	1320
	CTTAGAATTA CTAAGAATAA AAGATGAAAA TATAAAATAT ATAAACCAAG AAATTGACGT	1380
	CATTATCAAA GGAAAAAAG CAACAGTGGT TAATGCTGTA CTAACGTATA AGCCTTCGGC	1440
50	CTGTTATTGT TGTGGAGTTA AAAATGAAGG ACAAATTCAT AACATGGTA AGCGTGTTC	1500
	TCGTATTACT TTACTTAAAA CTCAAGGGTA TAACACATAC CTCAACTTAG CTAAACAACG	1560

55

	ATCAGCTACT GAAAATGGTA AGCTTACATT TTTACAAGTA TTTTTTGAAG TCATGTCTGC	360
	ATTTGGAACT TGTGGACTAT CGCTTGGTGT CACAAGTGAT ATTAGTGATA TTTCTAAGGT	420
5	CGTACTAATG ATACTCATGT TTATAGGACG TGTGGCTTA ATATCATTTA TCATTATGAT	480
	AGCAGGACGT CGAGAACCAG ATAAATTCCA TTATCCAAAA GAACGTATTC AAATAGGATA	540
10	ATATAATAGC AATCTAAGTT TAGTTAATGT AGATTTTAAC TGGAACCTAG ATTGCTTTTT	600
	TAGTTTGTAT TTTTAACTTA TTTTATAAGA CGATTGGTTT CGAAAATGGT AAAGTAGTAA	660
	CAATGAGAGG TGTAACATGA TGGAAAAAAA TGAAAACATT AATGTAGAGA TTTTAACTAC	720
15	GTCAGATATG CATAGTCATT TCTTAAATGG TGATTATGGT TCAAATATTT ATAGAGCTGG	780
	TACTTATGTT AACCAAGTAA GAGCACAAAA TCATCGCGTC ATTTTATTAG ATAGTGGCGG	840
	AAGTTTAGCT GGCTCGTTAG CGGCCTATTA TTATGCTATT GTTGCACCTT ATAAACGACA	900
20	TCCAATGATA AAGTTAATGA ACAGAATGCA TTATGATGCT AGCGGTGTGA GTCCAAGTGA	960
	ATTCAAGTTT GGTTTATCAT TTTTAACTCG TTCAATTGCT TTGGCACGTT TTCCATGGTT	1020
	ATCAGCAAAT ATTGAATACA ATGTTACTAA GGAGCCTTAT TTTTCAACTC CATATTGTAT	1080
25	TAAACATTTT GGTGACTTAA AAATTGCTAT CGTAGGCGTC ACAGCAGATG GTTTAATGGA	1140
	AAATGAGTAT TCTGAAATGG AGCAAGATGT ATCTATTGAA AAGACATTAG TGGCATCAAA	1200
	ACGTGGGATT AGATATATCC ATGAAGTTGA AGAGCCAGAT TTTTGTATTG TAATTTATCA	1260
30	TGGTGGATTG AATAAAATTA GTAATAGTAC GAAAAATAAA AAGGCAAGTT CGAATGAAGC	1320
	TGAAAAATTA ATGGAAGAAC TCGGTGTTAT AGATTTAATG ATTACAGCTC ATCAGCATCA	1380
	AACAATAGTA GGTCAAGATC ATGAAACGTA TTATGTTTCAAG GCTGGTCAAG ATGCCAAAGA	1440
35	GCTTGTACAT CTTTCGATTA ATTTTAAAAA GAGAACAACA ACTTATGATG TTGAAAGCAT	1500
	TGATTCTAAA GTGATTGACT TAAATGAGTA TGAAGAGGAT CAAGAATTAT TAGATTTAAC	1560
40	ATTCTATGAT AGAAAAGCAG TGGCTTATTG GTCACAGGAA ATCATAAGTG ATAAAGGTTT	1620
	GATGTTATCA GTAAATGGGT TACAAGATTT AGTCTGTCAA ACACATCCAT TTTCGCAATT	1680
	ATTACATGAT GCAATTCACC TTGCATTTGA TAATGATATA ACATGTGTCC ACGTGCCTAT	1740
45	GaACGGAGAG AAGGGGTTGA GTGGACAGAT TCGAAATGAA GrTTTGTATC aTGCATACCC	1800
	ATaTCCAGAT aAGCCaTGGG tATGACAATT aGTGGTCAAA ATaTCAAGGT ATnTTGGGGT	1860
	ATAGTTATTC ACCATTAGG	1879

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 421:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2710 base pairs

TTCTTGGATA CGTAATAAAT TACCTTTTGT CATAGGATTA AACATAGATC CAGGTAAAAC 120  
 ATAAACATTT CTATTTTGCT CTAATGCAA ATCTATCGTG ATGTGACTGC CACTTTGTTC 180  
 5 CTTAGCCTCA GTAATTAAAA CCCCTTTTGA CAAACCGCTG ATAATTCTAT TGCCTCAGG 240  
 AAATCTATAT TTAGCGATTG GTGTATGTGG TGGATATTCA GATATAACTA AACCTTTTTTC 300  
 TTCTATTTTA TTTCTTAATG CTAATGTACT TTTGGGATAA TGTGTTTGAT GGCCAAAGGC 360  
 10 TAAAACTGCA ATTGTAGGGA GATTGTATTT TAAAGCTATT TGATGTGCCA TTGCATCAGC 420  
 TCCTTGAGCA AGGCCGGA CAATTGTAA ATATTGCTT TTATCATTG ATAATAAAAA 480  
 TTCTAAAGAC TGTGGGTAT AACTGTAGA ATCTCTTGCA CCTACTACTG CCAAATGATG 540  
 15 CATATTATTT ATTAATTTGA TGTTCCTTT ATAGAAAAGA AGTAATGGAA ATTGATATAT 600  
 TTCTTTAAT AGCACTGGGT ATTCAGAATC CATATATGTA ATGTAACTTA CTTTTAATTT 660  
 CTGCAGTTCT TTAATAATAT CGTTATGATC AAGTTTTATA AAAGCATAGT ATTTACGTAA 720  
 20 TAAATGAACA TTTTCTTCCC TATTCACCCA TTCACATAAA TAACTATCTT TTTTCTTCC 780  
 CTCCTCTTTA ATTACATTAG GATATGCCAT TAAAAATTGA TGAATTTGTT TAGTCGAAAA 840  
 25 GTGTGCCCAG TATAACTTAA GCAAAAATAG TTTAATCAAT AAATCAACTC CTTTTGTAA 900  
 TCATACAAAA TCATATTCTA TTTTGTGTTT ACATTTCTAA TACAAAAACA TTGTCGATGT 960  
 AATGTTATTT TAAGGAGTAA AAATACTGAC TTAAAAAGTG AAAAGTATGT TGGAAAGAAT 1020  
 30 TTAAATTTT AATTCCAAC AACTTTATA ATTAAACCTT ATAAATAAGT TTTGCAAATT 1080  
 TATATAGAAT TGGTCTTACT GGTGTGATGA AATCACCAAT TAATTCTTCA ACATGTGCAT 1140  
 TAAAACCCTT TTAAATTG 1159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 420:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1879 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 420:

TCAATCAGCG ACTACAAGAA GTGCGGGTCT TCAACAATT GATGTGACAA CACTAAGTGA 60  
 CCCCACTAAT ATTATCATGG GTATTTTAAT GTTTATAGGA TCTTCGCCAA GTTCGGTTGG 120  
 50 TGGCGGTATT CGTACAACAA CTTTCGCTAT TTTAATTTG TTTTAAATTA ACTTTAGTAA 180  
 TAATGCCGAT AAAACATCCA TTAAAGTTA CAATAGAGAA GTACACATTA TGGATATTCA 240

ATCGCCTGAA CATAATTATC AATTTGGTGG CGCTATGATA AAAAGTGAAG GAGTAGATAA 540  
 ATTATTAAAA CCAGCACATG AAAGAAAATC ACCAGAAAAA ATCAAAGAAG AATTAGATAA 600  
 5 AAAAGAAGGC CACTAGGGTC TTCTTTATTT TTGATTTAAT CTTCCAATAA TCTATGTCAT 660  
 TGCTATCGAA GGTGTTTCGC AATTAATATA AATCACTTCA TCATCACCAA TACTTCCCCA 720  
 10 GTTTGTGACA GTACATTAAC ACAAACGAAC CACGTTAATT TAAATGGAWT AaTAGTTTGG 780  
 CCATTATAAG AACAATATAT ATCGA<sub>n</sub>TAAC AAT 813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 418:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 640 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 418:

AAAAGCAATC GTTGGTGGTG CTAAATTCAT CGGCAACTCA TATGTAAAAG CTGGTCAAAA 60  
 25 TACACTTTAC AAAATGAGAT GGAATCCTGC ACATCCAGGA ACACACCAAT ATGCTACAGA 120  
 TGTAGATTGG GCTAACATCA ATGCTAAAAT CATCAAAGGC TACTATGATA AAATTGGCGA 180  
 AGTCGGCAAA TACTTCGACA TCCCACAATA TAAATAAGCA ACATGAACAT AGGATCAAAA 240  
 30 GTCATCCCCC ACTATCAATC ATGGGGGATG ACCTTTGATC CCTTTTTTTAT ACATACACAA 300  
 GCAAAAATAG CGGTGATTGT TTACCATCAA TTTTAACAAT CACCGCTACT TTTGCTTGTA 360  
 ATTCATGATT CAATTTTTGT TGTGTGCACA ACGACACTAA ATTATGTGTT TGCTATTGTC 420  
 35 GTGTTACAAC GATATGCGTC GTTGATTAA CTTATCAAGT AATTGATTAA AATTGTCTAA 480  
 TTCGACTTCC GATAAACATT GACATCTTGC TTCAATCAAT TCGCAACGTG CATTATTTAT 540  
 40 TTGTGAAATT AATGTACGTG CTTGATCAGT CAAAATTAAT TCTTTACATC TTAAATCTTC 600  
 GCTAGATTGT TGACTTGTGA TGTACCC<sub>n</sub>nT CAAACTAAT 640

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 419:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 419:

1 ATTCATTGTA TCTTCTTTTT CAGTCTTTTT GTTAATCACT TTTTATTTTT TATCAGCAAC 1260  
 2 AAGTACTTCT GACTCTTCAC CAGATTTTTG TTGCGTCACT TTATAAGCCC ATTCACCATT 1320  
 5 3 AGAATTTTCA AATGAAATTC CTTTCAACTT TTGGCCTTTG TAAGTTTCTT CAGCTTTTTT 1380  
 4 CACAGCATCT TCTGGGCTTG TTTTAACATC TTTTAAAGCA ATAACATCTT TTGTTGTATT 1440  
 5 AGTGTCTTGA TTAGTATTTG ACTCTGTTGA TTTGTTTCA TCTTTTGGAG TATCATTGCC 1500  
 10 6 ACATGCAGTA AGCACCACCG CTGACATTGA TAACACTGCT AATGATTTTA ATTTCATAAT 1560  
 7 ATCACTCTCT CTTCTATTTT TTGAAACTCA TAACAAAAGC TTATATGCTA TATAGATTGT 1620  
 15 8 ATTACCCCTT GTTTTTAATT TTATTCATAA TTATTACAAA TATTTTAAA TTAATCGTCA 1680  
 9 TCGGTTACTT TCGTTCGTAC TCCTTTTATA AATGAACCAT GTAATATAAG CATGCTATTA 1740  
 20 10 TCGACTCAGT TTGTCTAATG CTTTCTTTGG TACTTCTTCC TTTTCAACTT CTTCAAAAGT 1800  
 11 TTCTACATGA TGACCTTTAT GTGTAATTTT CAAGTATCTA TGCGGTTTAA CATCAAATGT 1860  
 25 12 AGCAGTATAC ATTAATTGCG TCTCTTTCCC TTCTTTATTA AAAACACTTT GACTATAACT 1920  
 13 TCGGAGTTGA TCATCCATTC TAGTAGACAC CTCTGTCGTT TTAACATAAG AATCATCCTT 1980  
 30 14 CTTTACTAAT GGGTTAAATT GATCTGTTAT ACCATGGGAG TCTATTGTTT TTAAAATGAA 2040  
 15 TAAAGCagCA TAAGCGCCAA TGATAGTAAG TACAAGATat GtKATTGTTT TTAAAATCGT 2100  
 16 TTCAAAAGA 2109

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 417:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 813 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 417:

40 17 GTTACATAAA TGAAAACAAA AAAGATAATT TTAGTCTTA TGCTACACCA GAACATAATT 60  
 18 ATCAATTTGG TGGTGCTATG ATAGAAAGTG AAAAATTAAG CGAGTTACTA AAGCCAGCCA 120  
 45 19 ATCAGTTAAA ATCACCAGAT GATATAAAAA AAGAACTAAA TAAAAGAAG AGTCACTAAA 180  
 20 GTTAGGAGTT ACTTTAATGT CCAAAAAACA TGTTTTTATA ATTATTGGTG TCATATTGTG 240  
 21 TATATGTACA GTTCTACGG TCATGCATTT TAAAATGAAA TATGATGAAA AAGAAAAACA 300  
 50 22 AAAAGCGATT TACTACAAAG AACACAAGA ACGTATTACA CTCTATCTTA AGCATAATAC 360  
 23 TAAAGAAACG AACACGATTA AATCTGTACA TTTCACAAAC TTGGAAACAA GTCCTATGGG 420

ATAAAGCTAC ATTTACAATG CTACGTGATA TTCGGGTACA GTTTTTTCGGT AAATTAGTAA 3000  
 ATGTCATTCC TAATGTTTAC CGTAAACTGA GTTCTAGTGA TTTAATTTCA CGTATGATTA 3060  
 5 GTCGTGTTGA GGCATTACAA AATATAKATT TACGTGTTTA TTATCCACCA GTCGTCATCG 3120  
 GTTTGACAGC GCTAGTTACA GTCATAGTTT TGGCGTTCAT TTCAATCGGC CATGCG 3176

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 416:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2109 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 416:

20 TCTTTATTTT AATTTCCAAT TGAATTTTTT TATTATTAC GCATAGCTCT TAAAATTAAC 60  
 GTTACGATTG CAATTAAGAT AATTGAACCA ATTAATGCTG GCAAGATGTA AATACTTCCT 120  
 AATTCAGGAC CCCATTGTCC GAATAGTTTG CCACCTACCC ATGATCCAAT AATACCTGCG 180  
 25 ATAATATTGC CTAAAATACC ACCTGGGATA TCTTTACCCA TAATAGCACC AGCAGCCCAT 240  
 CCAATTAAGC CACCGACAAT TAACATTCCA ATAAATCCAA ACATAATTTT CAGTCTCCTT 300  
 TTTCTATTTA TTTTGCCTTA TTCTAAGTAG TACCCCTTAT TTACAATTCT AAAACAAATT 360  
 30 CAAATTATTT TTATCCAAAT ATTTTAAAA GTAGTAATTG AATATCAATT TTATTCAATG 420  
 TAGCTATCGT TATTTAAAGT CTCTGTACCG ATAATATCAT ATACATTTAC ATTATTTTTT 480  
 CTGCCGAATT CATAGCTTGA TTATTTTATG TTATAGGACT AGAATATACA CATATTATTA 540  
 35 GAGCATCTTT GAATTTTAAA TCAAGAAGCG AGGTTAATGA ACAATGAATA TGCATATTTT 600  
 ATATAACTTA CGAACTAAAC ATAATTTAGA AATTGACGAA TTAGCACAGC AATTAAATGA 660  
 GAAATATGGT ACTAAATATG AAGCACATCA AATTGCGGAA TGGGAGAATC ATCACCATGA 720  
 ACCTAAATTT AAAGATGCCA TGCATTTAGC TGACTCTTTT GATGCACCAT ATGAAATGTT 780  
 TTTAGAAAGT AAGGTTAAAG AATATCAGAA ACATTTAGAA GAAGTCGATA TTCGCATGGA 840  
 45 TAAATAGATG CAAATAAACC CTCACAACAC GTTTGGCATA TATCCTTTCA AATCTATACT 900  
 GGATATATTA CATTACGTTG TGAGGGTATT TTATTAATTA ATATGAATTA AGACATTTTA 960  
 CAAGCGTTAA TGCAACGAAT CTTTTTAGTG ATCTTGCTCA CTCTTTAATA CTTTACCGTT 1020  
 50 CTTAGCATCA ACAGTAACTT CTGTGTTTTT ATTACCTTTT TTCAAATCGA TATTGTAAAC 1080  
 AAGTTTGCCA TCATCTTTTT CAAGTGACCA TTCTTTAATA TCACCATCAA ATTCTTTTTG 1140

	TTCTTGGTCA GTACTGGTCT CGGCATAATC GTTATAACGC AAAATATTTT AATAGCAGAT	1200
	TTTTTAGCTA AAATTATAAG ACATCAATTT CAAGGTTTAT GGATTGTATT ATTTATTTTA	1260
5	TTAGGTGTTT TACTTTTAAG AGCAACTGTG CAATTTCTAA ATCAATGGTT AGGTGATACA	1320
	TTAGCATTTA AAGTTAAGCA TATGCTTAGA CAGCGGGTTA TTTATAAAAA TAATGGTCAT	1380
	CCAATCGGTG AACAAATGAC TATACTCACA GAAAACATTG ATGGTCTAGC ACCTTTTTTAT	1440
10	AAGAGTTATT TGCCTCAAGT GTTCAAATCA ATGATGGTTC CGCTCATCAT AATCATTGCA	1500
	ATGTTTTTCA TCCATTTCAA TACCGCATTa ATTATGTTAA TAACTGCACC ATTTATTCCT	1560
	TGTTTTTATA TTATTTTCGG TTTGAAAACG CGAGATGAGT CAAAAGATCA AATGACTTAT	1620
15	TTGAATCAAT TTAGTCAACG GTTTTTAAAT ATTGCTAAAG GTTTAGTGAC GTTAAAGCTA	1680
	TTTAATCGTA CAGAGCAAAC AGAGAAGCaT ATTTaCGACG ATAGTACTCa GTTTAGAACT	1740
	TTAACAATGC GCATTTTaCG CAGTGCTTTT TTATCGGGAT TAATGCTCGA ATTTATAAGT	1800
20	ATGTTAGGTA TTGGATTGGT TGCATTGGAA GCAACGCTAA GCTTAGTAGT ATTTCATAAT	1860
	ATTGATTTTA AAAGTGGGC AATTGCGATT ATTTTAGCGC CTGAATTTTA TAATGCAATT	1920
25	AAGGACTTAG GGCAAGCGTT CCATACTGGA AAACAAAGTG AAGGTGCCAG TGACGTTGTG	1980
	TTTGAGTTTT TAGAACAACC GAACTATAAT AATGAATTC TATTAAAGTA TGAGGAAAAC	2040
	CAAAAGCCAT TTATTCAGTT AACAGACATA TCATTTTCGAT ATGATGATTC TGATAGATTG	2100
30	GTATTAAATG ATTTAAATTT GGAAATATTT AAAGGTGATC AAATGCACT TGTAGGTCCA	2160
	AGCGGGGCAG GTAAATCCAC TTTGACACAT CTTATTGCAG GTGTTTATCA GCCAACAATA	2220
	GGTACTATAA GTACAAACCA GCGTGATTTA AATATAGGAA TACTTAGTCA ACAGCCATAT	2280
35	ATTTTCAGTG CTTCTATAAA AGAGAATATT ACGATGTTTA AAGATATAGA AAATAATACT	2340
	ATTGAAGAAG TGCTAGACGA AGTAGGTTTA TTAGACAAAG TGCAATCTTT CACAAAAGGC	2400
	ATTAACACAA TAATAGGTGA AGGAGGCGAA ATGTTATCTG GTGGACAGAT GAGACGCATA	2460
40	GAACTTTGCC GTCTTTTAGT TATGAAGCCA GATCTCGTTA TATTTGATGA GCCTGCAACT	2520
	GGTTTAGATA TTCAAACAGA ACACATGATT CAGAACGTTT TGTTCACA TTTTAAAGAT	2580
45	ACAACGATGA TTGTCATTGC ACATAGAGAT AATACAATTC GCCATTTACA ACGACGCTTG	2640
	TATATAGAAA ATGGAAGACT GATTGCTGAT GATCGCAATa TTTCAGTAAA TATAACAGAA	2700
	AATGGTGATG ACTTATGAAA ACACGACTAA AATTTCAAGT AGATAAGGAT TTATTGTTAG	2760
50	CTATAGTTGT TGGTGTTTGT GGAAGTTTAG TTGCGCTCGC CATGTTTTTC TTAAGTGGTT	2820
	ATATGGTGAC ACAAAGTGCA CTTGGTGCGC CACTATACGC TCTGATGATT TTAGTCGTTA	2880

55



	TTTAGATACA ATTACGAGTA TTTCAACACC AATGGGTGAA GGGGCAATTG GAATTGTTTCG	840
	ATTGTCTGGA CCGCAAGCCG TTGAAATTGC TGACAAATTA TATAAAGGAA AACATCTTTT	900
5	AAATGATGTT CCATCACATA CGATTAATTA CGGTCATATT ATTGATCCAG tCTAAAGAAG	960
	TGGTTGAAGA AGTTATGGTG TCTGTGTtAA GAGCGCCAAr AACATTTACA CGCGArGATA	1020
10	TTATAGaGAT TAATTGTCAT GGTGGtATTk TAACGATTAA TAGAGTGCTG GGA	1073

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 415:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3176 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 415:

	CTTTACCAAT GCCAAATCCG AAGTAAAGTA TAGCAATAAA GATTACTAAT ACAATTCTGT	60
	AAATGGCAAA TGGAATTAGT TTGATTTTGT TAATTAGATG CAAGAATGTT TTGATTGCAA	120
25	TTAGTCCAAC AGTAAATGCA GCTAAAAAGC CTAAAATATA AAAAGGTATA TCAGCAATCT	180
	GAATATCTTG ATAATGTTTT AATAAAGATA AACCCTAGC TGCTAACATA ATTGGAACAG	240
	CCATAATAAA TGTAAGTCC GATGCTGCTT TATGATTAA TTTCAATTAAT ACCCCAGTTG	300
30	AAATTGTTGA GCCTGAACGG CTGAAACCAG GCCACATAGC TACTGCTTGA gAAATACCAA	360
	TTACAAATGC TTGGAAATAA CTGATTTGAT CTACTGTTTG TGGGTTTTTA ACTTTAGCTG	420
	AGTATTTATC AGCAATAATC ATATAGATAG CACCTACGAA TAAGCCAATC ATAACAGTTG	480
35	GCACACTAAA TAAATGTTCT TCGATGAAAT CATCAAATAG TAAGCCTAAA ATACCTGCTG	540
	GCACCATACC CACTAATACA TGTAATAAAT TTAAACGTCT TGGCTTTGAA CGTCTTTGTT	600
	GATCGTTATC TCCTTCAACA TGTTTGTGTT TACCAATATG TAAAATCTCT AAGAAGCGTT	660
40	CGCGGAACAC CCATGCTGCT GCAAAGACGG ATCCTAATTG GATGACGATT TTAAATGTAA	720
	ATGCTGACTG AGAACCTAAA AATTCAGATG ATTTTAACCA CATATCATCA ACTAGGATCA	780
45	TATGTCCAGT AGAGGAAACA GGTGCAAATT CTGTTAATCC TTCGACGACC CCTAAGATAA	840
	TACCTTTTaT TAATTCAATG ATAAACATAA TGTACCCACT TTCATTACTC AATTTAATTT	900
	ATTTAAATAT CAAAATTACC ATATCATGAT AGCATATTCA TTAAAGACA TGCTAGTTAT	960
50	AGTTATAATA CTAGACTAAA GATGTATATA TTCATTTTCT TTTACATGTA AACTACAAT	1020
	ATTTTATTGA GCTATTTAAT TTGATTTTAA GGAAACCTT TTATAATAGG TTTAGGTGAT	1080

5 TGCTGCTGCT GCAATCTTCG TGCCTTGAAT AATCATTGCA CCATCATGTA AAGGTGTGTT 780  
 AGGTATAAAG ACATTAATTA AAAGTTCTTG CGAAATATTT GAATCCATTG CAATACCTGT 840  
 10 TTCAATATAA TCTTGAAGAC CTGTTTCTTT TTCAAAGACA ATTAATGCAC CTATACGTCT 900  
 TTTAGCCATA TATTGCACAG CCTTTGAAAC CGATTGAATC AATTTCTCTT CATCTTTACT 960  
 ATACGTATTA GAAGTATAGC GTTTTAAAAA GCTACCTCTA CCAAGTTGTT CTAACGCACG 1020  
 15 TCTAATTTCT GGTGGAATA TTACTATTAA AGCTAATACC CCCCATTGAA TAACGATATC 1080  
 GAATAATTTA GATGTTGCAG TCAAGTTCAA TATCATACTT ATCTGCTGAC CAATAACAAT 1140  
 TACTAATATC CCTTTAAGTA ATTGTATCGC TTTAGTTCCC TTAAAGACCG TGATGAGAAG 1200  
 20 ATAAAGTACA TACCAAATA TCAGTAAATC AAGGATACTC GTTACAATTT TTAACGTACT 1260  
 GAGGTTTTGA AAAAAGTTGG AAAAATCCAT AACATCTCCT CCGGGTAATA TTTTTCATA 1320  
 ATACCCATTA TACCAATCAT TT 1342

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 414:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1073 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 414:

CTGTATAAAG ATGGAGGTGT TTTGCATGGT AAAACGTACT TATCAACCAA ATAAACGTAA 60  
 ACATAGTAAA GTTCATGGTT TCAGAAAACG CATGAGCACA AAAAATGGCC GTAAAGTTTT 120  
 35 AGCGCGCCGT CGTCGTAAAG GCCGTAAAGT TTTATCTGCA TAAGATCACT GACTCATCAG 180  
 TGA~~t~~CTk~~t~~TTT TTTCTTTTAA ATTAAGAATA AATAGAAATT TATGTTATAA GCTCAATAGA 240  
 AGTTTAAATA TAGCTTCANA TAAAAACGAT AnATAAGCGA GTGATGTTAT TGGAAAAAGC 300  
 40 TTACCGAATT AAAAAGAATG CAGATTTTCA GAGAATATAT AAAAAAGGTC ATTCTGTAGC 360  
 CAACAGACAA TTTGTTGTAT ACACTTGTA TAATAAAGAA ATAGACCATT TTCGCTTAGG 420  
 TATTAGTGTT TCTAAAAAAC TAGGTAATGC AGTGTTAAGA AACAAGATTA AnAGAGCAAT 480  
 ACGTGAAAAT TTCAAAGTAC ATAAGTCGCA TATATTGGCC AAAGATATTA TTGTAATAGC 540  
 AAGACAGCCA GCTAAAGATA TGACGACTTT ACAAATACAG AATAGTCTTG AGCACGTACT 600  
 50 TAAAATTGCC AAAGTTTTTA ATAAAnAGAT TAAGTAAGGn TAGGGTAGGG GAAGGAAAAC 660  
 ATTAACCACT CAACACATCC CGAAGTCTTA CCTCAGACAA ACGTAAGACT GACCTTAGGG 720

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 412:

5 TAACGTCGAA CTTGAGCTGT TACGTTATGA CTCATAATTA TTTTAGCATA GTCATTTAAA 60  
 TAAACTTCTG TTCTGTCTGT TGGATAAGCA AATTCAAGCA ATTGACTGTA ACTATCATT 120  
 ATGACTTCTT GATCAACATG ACTATCAAAA TATACAGCAT AATAATAAGT ACCATCAACC 180  
 10 ATATATAACA AATCTTCAAA CTCTGTAGTT ATTGGATTGC TATGATATGC ATAATTAATA 240  
 ACATCTTCTA AATCGTTAAA TTTCACAATG ATTGTTCTTG TATTTTTACG TGCTGAAGAC 300  
 TTTTGACGTT TAGAACCTTG AGCTTCTTTT TCTTTTGTTT GTTGCTCGAA TAATTCTTCT 360  
 15 AATTGATCTT CACCTTCTAA TGTTTGAGCT AACAATTCTT GAACTTGTTT ATCAAATkGA 420  
 TCAGTTGCAT CATCATCAGA CATATTCATC ATATCTTCAT TTTTAGATTT AGAAATTGTG 480  
 ACTTCGACAC CTTTTTCAAA GGCATGTACT TGAATCCATA ATGGACCTnC TACAACAAAA 540  
 20 TCTTCTACTT CGTTAATTTT ATCCATCATT GAnCAAAAG 579

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 413:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 25 (A) LENGTH: 1342 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 413:

GTGGTGAAAC TTCTTGCTTT GTAATTTTAT AAAGTGGATC AATATCACTC TGACTTACAT 60  
 35 CAGGTTGAAC TGTCATCTTT TTAGTTACTT TGTTTTCAAG CGTAATATTT GCTAATTcTA 120  
 GGtTTTACAG AATAATGAAT GTCATCAGCT AmCCCTTTmm CtTGATACTy CTCTTGATAT 180  
 TTTCCAGCTT TAGCATTGTA TAAATCAATC ACTACTCTTA AATCTTCTGG ATTTTCAATT 240  
 40 TTTATTATCT TTGATTGTGG TCCTGAAATA GTCACATTAA CTGTTTCAGG CGCTTTTGTT 300  
 AAATGCAAAT CTTTAGTGTT ATAAAGAATT TCAACGGGTA CATCTTGAAT CGTTTTACTA 360  
 GACTTTTGAC CAAGATTACC AGTGTTAAAG ATATTTCCAA AAACATTGTT AACAGATAAA 420  
 45 AAGAAAAACA ATGCCAAAAG AAAGGCAATA AATCTCAAGC CCCATTTACT TTCTAGCATA 480  
 TTATTTCAACA CCTTTCTTTT GAAAGCGTGT GCCAAACCAA TGTTCAAGCA GCAACTCTTC 540  
 50 AAAAATTTTCG TTGAAATGT CTCGTCGTAA TTTTCCATCA AATGTTACCG AAATATCACC 600  
 AGTTTCTTCA GATACAATAA CGGTAAATGC ATCAGATACT TCTGAAATAC CAACCGCAGC 660

AACTTTTCTC CAACTATGTC AGACTATA

2488

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 411:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 1105 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 411:

TTTTACAATT TCAGATATCT CTAAACACA TACCGATCCA ATGGCCAAAA TTATTCGTCA	60
AAAATTGAAA AACTAGGAA TTCGTAAAGG GATTCCAGTT GTATTTTCAG ATGAAAGTCC	120
AATTGTCATA AGAGAAGATG TAAAAGATAT AGTTGGAGAT AAAAATGCTA TCAATCGAAA	180
AGGACAAATG CCACCTTCTT CAAATGCCTT TGTGCCAAGT GTTGTGGGAT TAATTTGTGC	240
AAGTTATGTG GTGAATGACG TATTAAAAGA TATTCCAGTT CGTCGCATTA AAGACAAAGG	300
GCAATAATTC ATTTTGAAAG GGATAATTTT CAACGTAAGG CAAGTGTAAC CACACCATAA	360
AACTAAAAC TACTAGTTCG CAAGCATAGT AGAATATGCC TCGTGTACTA GTCAGTTTGT	420
ATTTGATTAT AGCTAAAATA TCAAAGGTAA TCGATTAAAT CTTATTTTTA CGGCCTTTGT	480
TTAAGTAAGT TGTTATATAT TTCTTTGAGT TGTTGTTTAC TTTTAGATGT CGTTTTTGGT	540
TCGTAATAAA TTTTGTTTTT TAGTTTATCA GGTAATATT GCTGTGAAAC ATAGCCATTA	600
ACATATTGGT GTGGATATTT GTAACCAATA GATCGGCCTA GATCTTTAGC ACCTTGATAA	660
TGTCCATCTT TTAAATGGTT TGGAATTTGG CCCACATGAC CGTTTCTAAT ATCGGACAAT	720
GCACTATCAA TGGCACTCAT TGCTGAATTT GACTTAGGTG ATAAGCATAG TTCGATTACT	780
GCTTGCGCTTA GTGGAATTCT AGCTTCTGGT AAACCTAGAC GTTCTGCTGA TTCAATAGCA	840
GCAAGTGTTT TCTGACCAGC ATTAGGTGAG GCTAAGCCTA TATCCTCATA GCTAATTACA	900
AGTAATCGTC GAACTATTGT AGGTAAATCT CCAGCTTCAA TTAATCGTGC TAAATAATGT	960
AAAGCGGCAT TGACGTCGCT ACCACGGATA GATTTTGGGA AAGCGCTCAT AACATCGTAA	1020
TGCATGTCAC CATCCTTGTC ACTTACAAAT GCACCTTTTT GTAAACAGTC TTTAGCATCT	1080
TGCAATGTAA CATGTCGATA ACCGT	1105

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 412:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 579 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double

TTAAATATCT TGAAGATGTG TCAGATGAAG ATATCATTTAA TTATGAAATT AAAACAGGTG 720  
 CACCGCTTGT TTATGAATTA ACGGATGATT TAGAAGTTAT AGATAAATAC TACTTATAAA 780  
 5 AaAAGAGCTG CATGTACACA AGGAGTGAGT GTATATGcAG CTCTTAAAtA TGTGAAGTAA 840  
 TGTAAGGAAA TAGTTAAGTA TAGAGTTTAT ATTAACGAGC TAGGGATACT CGAAAATATA 900  
 GTTAGACATA CAATATAGTC AAATTAAAAC AATTATTTTCG CTCTTTTATG TTGCTTAATA 960  
 10 ATCTTTTAAAG CACGCTTTCT TGTTTTAATG TTAGGGCTAT TTAAATTACG ACGAGCAGTC 1020  
 TGTAATCTA ATTTTCATCTC TATCCCTCCT TGTAATATA TTATGACCGA TAACTACTCA 1080  
 TATGTAAATA GTAATGATTA CGTTTTAAAG AAATTGTAAT AAAGTCGTGC TAATTTTTTG 1140  
 15 GAAATGGGT ATAATTACCG GATATCTAAA AATGTGTGTC GTTTTTTAGA TGGTGAGGGG 1200  
 GAAGCTTTAA ATGTCGAAGA AACAAAAATT AACGATGATT ATTACTATGC TGATGGGTGG 1260  
 20 ATTTTTTGA TTATTAAATG AAACACTATT AGTGACGGCT TTACCAAGTA TTATGAAAGA 1320  
 TTTTGAAATT TCATATACAC AAGTTCAATG GCTGACAACA GCTTTTTTAT TGAATAATGG 1380  
 GATTGTTATT CCTTTGTCCG CGCTTGTTAT ACAACGTTAT ACAACAAGAC AAGTGTTTTT 1440  
 25 AGTGGGTATT TCTATCTTTT TCTTAGGTAC ATTACTCGGC GGCTTGAGTC CGCACTTTGC 1500  
 AACATTATTA GTTGCTAGAA TTATTCAGGC GTTAGGCGCA GGTATTATGA TGCCATTGAT 1560  
 GATGACAACG ATTTTGATG TTTTCCAACC ACATGAACGC GGTAAATATA TGGGGATATT 1620  
 30 TGGTTTGGA ATTGGTTTAG CACCAGCTAT TGGACCTACT CTTTCAGGT ACCTTGTTGA 1680  
 ATATTTTAAAC TGGAGATCGC TTTTCCATGT TGTCGCTCCA ATTGCAGCTG TGACATTTTT 1740  
 AATTGgaTTT AAAAcGATAA AAAATGTTGG AACTACAATT AAAGTACCTA TTGATTTTTAT 1800  
 35 TTCTGTCATT TTTTCTGTAC TAGGTTTCGG cGGGTATTG tATGGAACGA GTTCaATTTc 1860  
 AGAAAAAGGT TTTGATAATC CTAcGtATTA GTATCTATGA TTGGAGGCGT TGTTTTAGTC 1920  
 GCATTATTTG TAwTACGTCA ATATCGGCTA TCAACACCAT TATTaAATTT TGCTGTATTT 1980  
 40 AAAAATAAAC AATTTACAGT TGGTATCATT ATTATGGGTG TCaCAATGGT ATCGATGATT 2040  
 GGTTCGAAA CGATTTTACC TATCTTTGTG CAAAATTTAT TGCATCGTTC AGCTTTAGAT 2100  
 45 TCTGGATTAA CTTTATTACC AGGAGCAATT GTTATGGCAT TTATGTCGAT GACTTCGGGT 2160  
 GCTTTATATG AAAAGTTTGG TCCTAGAAAT CTTGCTTTAG TAGGTATGGC GATTGTTGTT 2220  
 ATTACTACGG CTTATTTTGT TGTAATGGAT GAACAAACAT CAACAATCAT GTTGGCAACA 2280  
 50 GTTTATGCGA TTCGAATGGT TGGTATCGCG TTAGGATTAA TTCCAGTAAT GACCCATACG 2340  
 ATGAATCAAT TAAAGCCAGA AATGAATGCA CATGGTTCAT CTATGACAAA CACAGTACAA 2400

55

CAAAAAATAA GTGGTTTAAA CAAACTGAT CAAGCAAAC TAAATAAAAT TGAAAATGTG 600  
TATAAAATCT TAAATAGTGA TTATTACAAA AACAGGACT CTGACAAGTT AAGTAAAGCT 660  
5 GCAATTGATG GCATGGTCAA AGAATTAAAA GATCCTTATT CTGAATATTT AACAAAAGAA 720  
CAAACGAAAT CCTTTAATGA AGGTGTTTCA GGTGATTTTG TAGGTATTGG TGCAGAAATG 780  
CAAAAGAAAA ATGATCAAAT TATGGTTACT AGTCCTATGA AGGGATCTCC AGCAGAACGT 840  
10 GCTGGCATTG GTCCTAAAAG TGTCATTACT AAAGTAAATG GAAAATCAAT TAAAGGTAAA 900  
GCATTAGATG AAGTTGTCAA AGATGTTCGT GGTAAAGAAA AACTGAAGT CACTTTAACT 960  
GTTCAACGAG GTAGTGAAGA AAAAGACGTT AAGATTAAAC GTGAAAAAAT TCATGTTAAA 1020  
15 AGTGTTGAGT ATAAGAAAAA AGGTAAAGTT GGAGTTATTA CTATTAATAA ATTCCaGAAT 1080  
GATACATCAG GTGAATTGAA AGATGCAGTT CTAAAAGCTC ACAAAGATGG TTTGAAAAAG 1140  
ATTGTTTTAG ATTTAAGAAA TAATCCAGGT GGACTACTAG ATGAAGCTGT TAAAATGGCA 1200  
20 AATATTTTTA TCGATAAAGG AAAAAGTGT GTTAACTAG AAAAAAGGTAA AGATACTGAA 1260  
G 1261

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 410:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 2488 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 410:

AAATATATTG AAnAGAnAAT TACTAAGATT AAATCnTCTT AAAATATCCC TGAAATAACG 60  
TCCTAAAGAT TAAAGGAAAG AGGTTATAAG TTATGCCAAA ATTAATTTTA TGTCGTCATG 120  
GACAAAGCGA GTGGAATGCT AAAAAGTTAT TTACTGGATG GGAAGATGTT AATTATCTG 180  
40 AACAAAGGTAT TAATGAAGCG ACTAGAGCAG GTGAAAAAGT AAGAGAAAAT AACATTGCCA 240  
TCGATGTAGC TTTTACATCG TTATTAACAC GTGCTTTAGA TACAACGCAT TATATTTTAA 300  
CTGAATCTAA ACAACAATGG ATTCCTGTAT ATAAAAGCTG GCGTTTAAAT GAACGCCACT 360  
45 ATGGTGGATT GCAAGGCTTA AATAAAGATG ATGCTAGAAA AGAATTTGGA GAAGAACAAG 420  
TACATATTTG GCGTCGTTCT TATGATGTGA AACCACCTGC TGAAACCGAA GAACAACGTG 480  
50 AAGCTTACTT AGCTGATCGT CGATATAATC ATTTAGATAA ACGTATGATG CCTTATTCTG 540  
AAAGTCTGAA AGATACTTTA GTTCGAGTGA TACCATTTTG GACAGATCAT ATTTACAAT 600

AGTGCAAGTC TAGTTAATAA AAATCCAATA GATCAAAAAG TTATCGTGGA TAGTTACTTA 4740  
 GAGTGGTTAA ATCAAGGAAT TACTAAAGAA AGTATTACGA CATTTATTGA ACGATACGCT 4800  
 5 CAAGCATTAA TCCCGCCTTT AATTGCTTTT ATTCAAAATT ATGGAATTGC TTTAGAAGCA 4860  
 CACATGCAAA ATACAGTAGT GAACTTGGGG CCACATTTTG ACaTTCAATT TTTAGTGAGA 4920  
 GATTTAGGTG GTTCTAGAAT TGATTTAGAA ACATTACAAC ATCGTGTATC AGATATTAAA 4980  
 10 ATTACAAATG ATAGTTTAAT AGCTGATTCT ATAGATGCAG TGATTGCAAA ATTCCAACAT 5040  
 GCTGTTATTC AAAATCAAAT GGCAGAATTA ATCCATCATT TTAATCAGTA TGATTGTGTT 5100  
 15 GAAGAAACCG AATTATTTAA CATAGTACAG CAAGTAGTAG CGCATGCCAT TAACCCAACA 5160  
 CTACCACATG CAAATGAGTT AAAAGATATT TTGTTTGGAC CAACAATTAC TGTCAAAGCG 5220  
 TTGTTAAATA TGAGAATGGA AAATAAAGTA AAGCAATATT TAAATATTGA GTTAGATAAT 5280  
 20 CCGATAAAAA AAGAGGTGTA GTACTACATG GCACACGTTA ACATAAATAT ATCGAAGATT 5340  
 AAaTATAACG CCAAAGTACT TCAAACAGTT TTTCAAAGTA AAAATATGCA ATTCACACCA 5400  
 GTAATTAAGT GCATAGCTGG TGACCGTACA ATTGTAGAAA GCTTAAAAGC GTTAGGTATC 5460  
 25 AATCATGTTG CAGAATCCAG ATTGATAAC ATAATTAGTA TTGCAGATAC AGGATTTAAC 5520  
 A 5521

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 409:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1261 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 409:

40 AGGTCGTCTr GCaGmAGmGm TATTTGACGA TCTTGCTTTC CCAAAACACG ATGATGATTT 60  
 TAACATACTG TCTGATTATA TTGAGACACA TGGTGATTTTC aCATTGCCAA TGTCTGTATT 120  
 TGATGATTTA TATGAAGAAT ATACGGAATG GCTAAAATTT TAATATAATT TTTAATAATA 180  
 45 ATAGTTAGAA CCAGGGTGAT GCAATTCGTT ATCCTGGTTT TAATTTAAAA TAACTAAGT 240  
 TGTGACTAAA AATTAATCAA TTATAGTGAA ATATGGTGCG CTATCTTGCA TAAATTGATA 300  
 TGATTAAC TA CACAGAATTT AAAAGTACAT AATACATAAT AAGGAAGTGA TACAATGGAT 360  
 50 GATAAGCAAC ACACATCTTC ATCCGATGAT GAACGCGCTG AAATTGCAAC AAGCAATCAA 420  
 GACCAAGAAA CTAATTCATC GAAACGCGTT CACTTAAAC GTTGGCAATT CATATCAATA 480

	CAGTTTTATT ATGCTTACCA TTACATTTTA AAGTAACTAA AATACCTGAA GaTGCATCAA	2940
	GaTACATGCC GTTAAAAGTT ATTATAGATT ACTTCAAATT ACATATGGAA GGTGACAAA	3000
5	TATTTATAAC ATCATTATTG ATTATGGCGA CAGGTTTTTC ATATACGACA CTTTTACCAG	3060
	TTTTGACAAA CAAAGTATTT CCGGGGAAAT CTGAAATATT TGGTATCGCT ATGACGATGT	3120
	GTGCCATTGG TGGTATTATT GCAACGCTAG TTTTACCTAA AGTACTTAAA TATATTGGTA	3180
10	TGGTAAATAT GTATTATTTA AGTTCATTTT TATTGGCAT TGCTTTGTTA GGTGTGGTAT	3240
	TTCACAATAT TGTCATCATG TTCATTTGTA TTACATTGAT TGGGTTATTT AGTCAATGGG	3300
	CAOGTACGAC AAATCGCGTT TATTTTCAAA ATAATGTTAA AGATTATGAA CGTGGTAAAG	3360
15	TACTGAGTAT TaTTIATGATG GgATAGAGGT ATGaTTCCAT kGGGAAGTCn ATTAATGAGT	3420
	ATATGTGCAG ATGTGTTTGG CATTGTTAGA ACTTTTTCAA TAATGGGAAT AAGTACTATA	3480
20	TGCATTACAA TGGTATTCTA TTTTATAAAT AGAAAGTTGA AGTTAAAGTT GGAGGAAAGT	3540
	AATCATGGTA TATCTTGAAT GGGCAAAGGC AGATAGAAAT ATTCAATATC GTGTAATTAA	3600
	CGCCATTATT AAAGAACGTA TTTACCCCGA GCAAACATTT ATTTGCGAAA AAGGATCTTT	3660
25	AATTGAAATT CAGTATCATA TGCATGTGTT GACTATTGAA GTTGTTAGAA AAAGTGCATT	3720
	AGAACGCTAT GAGTTTACAG GTGATATTAC TTATTTAAAT AAAGGTGAAA CGTCATTAAT	3780
	TATAACTTTA GAAGGTTTAT TAGATGTGTT GAATCATGAC TTTGATATCC CTATTTGAGA	3840
30	GCGACTACGC GAAGAGTTAA TACACAGTCG AGATAGTTTA GTTGAAACAT ATAAGCAAAT	3900
	GTCTCACAGA CAAACGTTAA TAAGTCmAG TTTTAAATTT TCAAGGTTAC CACAAGATAT	3960
	TAACTTTTTT TCakGGTtAC AACATGTAAA AGATAGTGAT AAGACAGATG ATTTAACTTA	4020
35	TTCTGAGAGT TTGGTACCAG AGGGGCATCC AACACACCCT TTAACCAAAA CGAAATTGCC	4080
	CTTAACTATG GAAGAAGTAC GAGCATATGC ACCTGAGTTT GAAAAAGAAA TCCCTTTGCA	4140
40	AATTATGATG ATTGAAAAAG ACCATGTTGT GTGCACAGCT ATGGATGGTA ATGATCAATT	4200
	TATTATTGAT GAAATAATTC CCGAATACTA CAATCAGATT CGTGTGTTTT TAAAGAGTTT	4260
	AGGTTTGAAA AGTGAAGACT ATAGAGCGAT TTTAGTACAT CCTTGGCAAT ATGATCATAC	4320
45	GATAGGGAAA TATTTTGAAG CATGGnTTGC TAAAAAATA TTAATTCCAA CGCGTTTAC	4380
	AATACTTcCA AAAGCaACTT aTcatTTaGG ACGATGTCTT TAATTGATAA ACCATACCAT	4440
	GTTAaGTTGC CCgTCGATGC aCAAGCAACA AGTGCCGTTA GAACAGTCTC AACTGTGACT	4500
50	ACTGTAGATG GACCAAAGTT AAGTTATGCT TTACAAAACA TGTTGAATCa ATATCCaGGA	4560
	TTTAAAGTTG CTATGGAACC GTTCGGTGAA TATGCAAATG TTGATAAAGA TAGGGCACGT	4620

55



	AAAAATGAAT ACCAGCAACT TCATCAATAA TTGTTGATGC ATAGGACTTA AATATGACAT	1140
	CTTTCTCCAA AATATCATTT AAAATACGTG TCATTAGTGG ACCATTGTGC GTCGTTTGTT	1200
5	CTGATAATGT ACGAATCTCA CCTGTAATAT GAACGTTTGT CGACAATTTG ATGTGTGGCG	1260
	ACATAGCTGG GTATTTAGGA ACTAATGTTT TGAAAGATAA ACCAGCATAA TAATCCaACG	1320
10	TATGTTTTGC TTCAATGATT AATTCTTTAT CTACTTCTGC TTGATAATCA GAATGTAATA	1380
	CGTCATCTAA TTGCCATGGA TGAACAATCA TAATGTGATA ATCATTAAAG TTAAACTTTG	1440
	GCGTAAATTC ATTTTCTAAT TGTTTAATTA AGTCCGGAAA TAGTTGATGA ACAGTTGTAT	1500
15	CATAATCTTT AGACAGTGAC ATAGTACGGC TTAATTTACT GTGAATCAGT ACTATTTTCA	1560
	ACTTAATAGG TTGATTGAAT TCTGAAGAAT ATAGGAATGT TTGTAATGCA TTTAAACCTT	1620
	TACGTAATTT AGCCCCAGGA TGTAGCGGAT GACCTTCAAT AACGGCTTGC TCTGAACGCA	1680
20	AGTAACTATC TTCGCTATTT TCGATAATAT TAAATAAAGG TGCAGAATCA TGTTCATTG	1740
	ACAGTGCTTG ATAGCTAATT GCAAATGTCA TATtAGTtGC ACTGTTTATT AAATCTTGCT	1800
	GAAATTGATC ACTAGCAGCA TTTTTTAAAT CTGGTGCTTC AATTAAAATA CACTCAAGAA	1860
25	TTTCATTTGG ATGGTGTACT CGTGTAATCG TATTTGTAAT GTCATCTTTA ATGTAGAAAG	1920
	GGCCTTCAAC ATCAATTGCA TCAAAGGCGT GTTCTCCAGT GATAGGAGCA TATAATGTTT	1980
30	GCTTAGCTTG TGGGAACTGG ATTTCTAGTA TATGAGTCGT TGAGATATCT AACATAATCA	2040
	AATCAGCACT CAATATTTTC TTACTTTGAG TGC GCGCTTT AACTAAGTTT TCGCGATGCA	2100
	TTGATGTGAC CAATCTCTGA GTGACTTTAT CTCTTCCTTG TAAATCATC TCTTTAAAAA	2160
35	TATTAGCCCA ATCGCTATTA TGTGTGTGTA AAAATAAATA TGTTTCTTGT TCTTCTTGT	2220
	TAAATTTTAA TGTCTGTTCT TTAAAAATTA AGTTCAAGTT CATAATTCAC CTCTATGAAA	2280
	TATTTTACAA AAGCAAGATA GATTGTGATA ATCCATATTA ATGATAATGA YTCTTATTAT	2340
40	CAACAGAATG CGGGTGTAAG TTTTATGACA AAATATTTTT TTAGCAGTTC TTTTCTACTA	2400
	TTTCTAGGTA ATTGGATTGG ACAAATAGGG CTAAATTGGT TTGTACTTAC CACTTATCAT	2460
	AACGCAGTTT ATCTGGGGAT TGTCAATTTT TGCAGACTTG TACCAATATT ATTACTAAGT	2520
45	GTGTGGGCAG GGGCAATTGC CGATAAATAT GATAAAGGGC GATTGCTGAG AATTACAATT	2580
	TCATCATCAT TTTTAGTAAC TGCAATTTTA TGTGTGCTCA CGTATAGTTc ACTGCAATTC	2640
50	CAATTAGCGT CATTATTATA TATGCGACAT TAAGAGGGAT TTAAAGTGCG GTTGAAACAC	2700
	CTTTAAGACA AGCAATCTTA CCAGATTTAT CAGATAAAAT ATCTACTACA CAAGCTGTmw	2760
55	CATTTCAATC ATTCATCATT AATATTTGTC GTTCAATAGG GCCTGCCATT GCTGGTGTCA	2820

CGAAwTTAT GAGCTAGAAA GGCTTATGCA GTTGACGTTT TACGTCCAAC TGC GTTCCTC 1440  
 CGTCTTCTTC AAATTTATTT GThAGAAAGG CACCCAAC TC CCTGTTTG TTAAC TTTCG 1500  
 5 CCTCGAAAGT TTCTATGTTA GAACCCTATG CATGAGTTGC GAAhTATCTA ATGTCGTGAA 1560  
 CTAATTATAT AGAAGAAAAA GTGCATCAAT GACAAATTAA ATGAGATTTC TACTCTACCA 1620  
 AACTCTCTTC GAAAGACAAT TTTCTCCTCT ATTTATTAGC AACTATTGCA TTTCTCCATA 1680  
 10 TAGTACTTCC TTA CT TAAAA TACGCTGAAT GTCTGAATTA AA 1722

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 408:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5521 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 408:

GCGAGACCCC CTGAGGGAGC AGTGCCCACT CGAAGACCCG AGGCTGAGAC GGCACCCTAG 60  
 25 GAAAGCGAcC ATTyCAATAC GAaTTgTGat AAATAGAGAA CAGCAGTAAG ATATTTTCTA 120  
 ATTGAAAATT ATCTTACTGC TGT TTT TTTTA GGGATTTATG TCCCAGCCTG TTT TTTGTGA 180  
 TTTTAAATAA TTTGAATATG GAAAATGTAT TATTCTCTCA TTTGTATAGA TTGTATTTAA 240  
 30 TAAGTTAATG TAATCCTTGA GCTCAGGATT AATAAAATTC TATAACCTTA ATTATTTTCT 300  
 CGATACAAAG GGTTATTAAC TTTAATATAA GTATAATGAT GTGCCTCATC TTCAAGACGC 360  
 ATTGTTGTAA CACACTTATA ATCTATAAAT GGCGCGAACA TGGTATCTTT AATTTCaTTT 420  
 35 ATGCGATTCT CATT TACTTG ATTAGATTTG TGTGTCGAAA GTACAAGTTG ATCaAAAATG 480  
 TTATCTAGTA CATCACGAAC GATATACCAC ATATGTCTTT CTAAGTTTGA ATCATTGAT 540  
 40 GCTTTAGAGA TTGTAAGAAT TAATTCGCCT AAATGGTTTT GAACGGTAGA ATAAAAGGCT 600  
 TTGTTAAACA CAGACGTTTT TGAATCAGTA AGAATTCTTG ATTTTTCATG GAAATGAGAT 660  
 GTACTGTATA CCATTTCAAT TAGTTGTGCT TTATCAATTC TTAAACCTTC AAAGTCTCTA 720  
 45 ATATACATCG TGTCCAATAG ACCATCTTTC CGAAATGTTG CAATAGCATT TTGCAAGTGA 780  
 GCCTCTAATG CAATGCCATA TTTAGTAACT AGTGGGATTA CGAGACCAAG CAATGCTTTA 840  
 CTATAAGTTT CAACCCACGA TTTCGCCGAT GATTCAAAAT CAGACAATGA TGCAGCTGAT 900  
 50 TGATAACGTT TAATCAATGT CACGATAGGT GATTCATTGT TAAATGGGTA GGTTGCAACT 960  
 AAGCTTGAAG GAATCAATGG TGTGACTTCT TGTGGAATCA TTTGGTATAT ATTTT TTTCTA 1020

GCACTATCCA TACTAATTTTC AGATA

1705

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 407:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1722 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 407:

15	TCAATATATC TTAAAATTCA ATGATTAAAT CnATTATCAC TAGACATnAA ATACATAAAT	60
	CCTATTCCCC ATTTTCATTT nTTAATTCAT AAATGAATCA ATAACCACCT AATAACAAAT	120
	CATATTATAC ACCTTTGTTT TCTATTTTTT TAAGGTTTAA AAAATATTTT TAGGTAAACC	180
20	TAAAAATAGA TGTAATAAAA ACGCCTCCTC AGATATTTTAT ATATCTATGA AGACGTTTAA	240
	ATACATTATA GATGGTCTGG TTCTGGGTGA ACGTATACTG AGGAAALACC TTTTTTGTGC	300
	AAATGATGTT CGACATTGTC ACAAATTTGA TGCCTTCTA CTAAGGAAAG GTTAGCATCT	360
25	ACAACAATTG TGACATCAAT AAACACACTA CTTCCATGGT AACGCCCTTT AATACTTTTA	420
	ACTTCTTGTA CTTTCATCAAC TTCTAAAATA TCATTGCGAT ACGCTTCTAA TTCAGTTTCA	480
30	TTGAAACCAT CACTCAACAT AAAAATTGCT TCTTTAAAAA TACCAAAACC AGTATAAACG	540
	ATTAGTAAGC CTAGTAATGT TGCTAAAATA ATATCGACAA TTGGGAAACC GATTGTGCGTA	600
	AAAATTAATC CTATCGCTGT TCCAATGCTG ACTAACTAT CCGATAAATT ATCTTTGGCA	660
35	GCCGAATTTA AAGAACTACT TTTCGTTCTT TTCGCTAGTC TTTGATTGAC TGCAAATACA	720
	ATCAACATTA CAAGACCACT GATTAAGCTG ACGATAATTG TTATTGCGTT AGGTACAACG	780
	TCATCTTCTT TGAACAAACG AGGTGCATTT TGAATAACTA CTTGGATACC TACAAACATA	840
40	ATGACAAATG ACACCAATAA TGAAGAAATA TTTTCAGACT TCAAATGGCC ATAAGGATGA	900
	TTTCGATCGG CAGGTTTAAT TGAAATTTTC AATCCAATAA TAACAGCTAA AGAAACGATA	960
45	ATATCTGTCA TATTGTTTAA TGCATCGGCT CTTACAGCTG CAGAGTTAAA GACAAAACCC	1020
	GTGACATACT TAACAATAGA TAAGATTATA TATACAATTA AACTCAAATA AGCACC GCGT	1080
	TGCGCCAATT TAAGATTTTC ATTATGAGAC ATGCGTTGAA CCACCTTGAA TTAGTATAGT	1140
50	AACAATATTA TGAATGATTC ATTTTAATTT TACAACGTTT TTAATTTTTA TAAATTTTTA	1200
	TAAAATTAAA CTAATTTATT CATTGCAAC CCCTAAAAAT AATTTTTAGC CTTTCTGCGA	1260
55	ATTTTATGAG CTAGAAAGGC GCCCAACTCT CCCTGTTTGT TAACTTTTCGC CTCGAAAGTT	1320

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 406:

5	GCTGATGTTT GTTGCCCTTT TCCACCAGAC AATTCAGAGG GATATTTATC ACTAATATCC	60
	AATATATTTA ATGCTTCTGC TACTTTTTCA TAACGATTTA ACATATGTTT TTTATCTAAC	120
	TTCTGTACCG TTAGTGGTAA CATTATGTTT TCTTTAACAG TCAATGTATG CAGTAAATTA	180
10	TACTCTTGAA AAATAAAACC AATATCATGC TTGCGTATAT CAGATWATTC CTTGTTTGAA	240
	AGCTTTTCTA ATTTTTTTCC TTTTAATGTA ATAGAACCCT GTGAAATATA ATCAATTGAA	300
	CTTAAACAT TTAATAATGT CGTTTTCCCA GATCCAGAGG GACCCATAAT AGCAATAAAC	360
15	TCGCCTTCTT CAATAGACAT ATTGATATCT CGCAACACTT CTTGTGCCAT TTTTTAGTT	420
	CCATATATTT TTGTTAATTG TTTTACTTCT AAAATTGCCA CTTTAACACT CCTATAATTT	480
	ATCTTAACTT CATTTCCCTT AGGCTTTGGC ACTTGTATCT TCAATTTAAC ATATGACTAA	540
20	CATCTATCTT ATTATAACGT TGAAGCTGCA TTGATGTATC AATTCTAAGT AACAAAACGC	600
	ATGTTTAAAA TGACAAATTT GTCACCTCCG ACATGCGTTC AACAAATTTCA TTTTGTAATG	660
25	GGAAAATCAA TCTGACAGTT GTCCCTTAC CAACAGTCGA CGTGACTTGC AGGTGAATAC	720
	CTAATTGATC CTTTACACTA TTTACTAAAT ATAGACCCAT ACCTGAAGAC GTCGTTTCAT	780
	TTCTGTTAGC CGTTGACGTA AATCCTCGTT CAAATATTCG CGGCATATCT TTTTACTAA	840
30	TACCTCTGCC ATAGTCTTTA ATATATAACG AACATGTTG ATCATTTAAT TCTGTCCCAA	900
	TTTCAATATT AAAATTCTCA CTATATTTC AATGCGTTTGA CAAAATTTGT CTAATAATCA	960
	TACGACACCA TTTTATATCT GTATAACAT AATCATCCAC TTTAAAGTCA ACATCAAAAC	1020
35	CAATACCTTT AACCTGACTA ATATGTCTTG TTAATTGTAT TTCATCAATG ACCATGCGTT	1080
	TAAGTGACAC GTAATCAAAA TACATATCTT TACGTTGAGA TTCTAATCTA GTAATATACA	1140
40	GCTGTGTATC TAGCATCGAG TTTATACGAG ACCATTGATA TAGTAATGCT TGTWTTCTTT	1200
	CTTGATTTTT TTCTTGATCA ATTAATAATT TCATAGCTGT CACAGGCGTT TTTATGTCGT	1260
	GCACAAATTC TGTAATGGTT TGTTGATGCA TGTTCATTTG CAACTGTTGC TCAACAACCT	1320
45	TTTCTTTGTG CGCTGAGATT TGACGATATA AATAATCAAC TGTATGACGT TGAAATGGCG	1380
	TTTCCGCTAA ATCTTTATGT TTAATTTCTT CTATTTCTTT ATCTTTGTCA AAATGCTTAT	1440
	ATAATTTTAC TTCTTTAAAA TATGTCAATA AAAGAAAAAT CATTGTTAAA CTTAAATTCA	1500
50	AAGAAACAAT ATAAAATAAA CTGTCTATTG GAAAATCATA ATCGATTAGA CTAATGCCTA	1560
	ACATAAGGAA GTTTAAAAAC AATATCCAAA ATATCCAGTT CATGCGAGAT TTCAAAAAAT	1620

55

	CAGTTACAGG ATGTTCTACT TGAATACGTG TATTCATTTT CATAAAATAA AATTTATTAT	2220
	CATTTAAATC ATATATAAAC TCAATTGTTC CCGCATTTTC ATAATTTACA GCTTTCGCTG	2280
5	CACGAAGTGC GGCATTTCCC ATTTACAGAC GTGTTTCATC ATCTAAAATT GGGGAAGGTG	2340
	CTTCTTCCAC TAATTTCTGC ATACGTCTTT GAATTGTACA ATCACGTTCT CCTAAATGAA	2400
10	TTACATTACC ATAGCTGTCC CCAACAATTT GGATTTCAT ATGGCGGAAG TTTTCGATGA	2460
	ATTTCTCCAT ATAAAGTCCA CCATTACCAA ATGCAGTTTG AGCTTCTTGT TCTGTCATTC	2520
	GGAAGCCAGT TTCAAGTTCT TTTTCATCAC GAGCAACACG GATACCTTTT CCGCCACCGC	2580
15	CAGCAGTAGC TTTAATGATG ACCGGATAGC CAATTTTTTT GGCGATTTTC TTAGCTTCTG	2640
	AGACGTCTTT CATTAAACCG TCACTACCAG GAACAACTGG AACATTGGCT TTGATCATTT	2700
	CTGCCTTAGC AACATCTTTG ATACCCATTT TTTGGATAGA TTGATAACTT GGTCCAATGA	2760
20	ACTTCAATTG GcATgctTCG CATAATTCTG CAAAATCAGC ATTTTCAGCT AAAAAGCCAT	2820
	AACCCGGATG AACGCCATCA CAACCTGTAG AAGTTGCAAT AGATAAGATG TTCGGAATAT	2880
	TTAAATATGA ATCTTTAGAC AAAGTGGGAC CTACGCAATA TGCTTCATCA GCAATTTGAG	2940
25	TATGTAGCGC ATCTTTATCC CCTTCAGAAT AGATTGCAAC AGTTTGGATG CCTAAATCAC	3000
	GACAAGCGCG AATAATCCTA ACTGCGATTT CACCGCGGTT TGCAATTAAA ACCTTTTTCA	3060
30	TTATTTTACC TTAAATAACG GTTGGCCATA CTCTACCATT TGTCCGTCTT CTAATAAGAT	3120
	TTCAACAATT TCACCTGAAA TTTCTGCTTG AATTTCAATTA AATAGTTTCA TTGCCTCTAA	3180
	AATACACACT GTTGTTCAT TTGAAACAGT GTCCCCAACT TGCACATATG CTTCTTCGTC	3240
35	TGGAGATGGC GATTTGTAAA ATGTACCTAC CATAGGTGCA TTAATTGTTT TGTGATTATC	3300
	TGAAGTTGGC TTTGGAGCTT CAGTTTATT GCTATCAGTT GATTGTGCTT GAGGCATAGG	3360
	CATTGCCGCA GCTTCAACTG GCATTTGTGA GATTGTGGC GTGATAATCT CAGTTTCTTT	3420
40	TTCTTTCTTA AGCGTCACTT TGCCTTAGT ATCTTCAATA TTGATTCCG TTAAAGTTGA	3480
	TTTATCCAGA ATTTCAATTA ATTCTTGAT TTCTTTAAAG TTCATTATTA CTGACTCCTT	3540
45	CAGTTTGTTC TCATCTACCC GTCTATTTTA CTGAGACAA CTCTTCAATT CAAGCATGTT	3600
	CATATTGCTG GCGACATTAT AAGTCTATCC CAAAGTTATA ATAAAACCAC ATTTTAAATT	3660
	AAAAACACTT GTGTATTTAT TACTTAACAT TGAATCATCT TAACTCTTGA	3710

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 406:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1705 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

	TGTATTTGTT CAGCTAATGG AAAACGACTA TTTATCGTTG AATGGATATC TCGAATTGCG	420
	GCACCTGTAC TCGCTGTTAA AACTGCAATT TTTTAGGAA ACTTAGGTAT TGATTTCTTA	480
5	TTTCGCTTTAT CAAAACAACC TTCTTCAGTT AATTTTTTCT TTAATGCTTC TAATTTTTGA	540
	TATAAGTTCC CTATACCATC TAATTGCATT TTATTTACAT AAATTTGATA GTTCCACGA	600
	CGTTCAAAAA CAGAAACACG TGCTTCTAAT AAGACTTCAT CTCCTTCTTT AGGTTGGAAG	660
10	TTTAATTTAG AAGCACTACC TTTGAACATC ATGGCACTTA TAACGCTTTC TTTATCTTTC	720
	ACATTAAAGT ATAAATGACC ACTTGaATGc TTTTGAAAT TTGAAAGCTC ACCTTTAATC	780
15	AATACAGATT GGAGATGTGG ATCTTGATCA AATTTATATT TAATATATTT CGTTAAAGCT	840
	GAAACACTTA AATAATCTGA CATATAACAT CACTCAATTT TATTTTTTTA TATTACTCAA	900
	TACACCATTT ATAAATTTAT AATGATCATC ATCACTGAAT TGTTTTGTTA ATTCAACTGC	960
20	TTCATTCATT ACGACTTTAG CAGGTGTATC ACTGTGTAAT ATTTCATATG TTGCCATTCT	1020
	TAAAATAATA CGATCCGTTT TTAATAAACG TGCAATAGTC CAATCTTTTA AATAAGGACT	1080
	AATTGTCTCG TCTAATACAG GTTCGTGATC TTTAACGCCA GAAACTAGCC AATGAATAAA	1140
25	TTCGAAGTCT AAATCTGGAT TATCGTCTTT AATAAAGCTT ATCGCTTCAT TTATCGTTAA	1200
	ATCACTGTCC TTCATTTCTA ATTGAAATAA AGTTTGAAA GCTTGCACTC GGGATTCTTT	1260
30	ACGACTCATT TTTAACTCCT TCAAACGTTT GTATTTTTCT TTATTTAATT ACTGAATTAG	1320
	GTATGACATT ACTTTTCAAT AACGATTGTG GTAATGTGAA TATTAATTTG CTTAGGTTCT	1380
	ATCGCTGTCA TATTAGAAAT TGAATTAAAA ATTGACGTTT GAATTTTGTT TGCAGTTTTT	1440
35	GAAATATTAA CACCATGTTT TAATGCACAA TATACATCTA TATATATGCC ATCTTCTTTA	1500
	CTCTCGATTT TTAAATCACG GCTTAAATTT TTACGACTAA CTTTTTCTAA ATTTGTTTCT	1560
	TTTAATTCAG CAAAATGGCC AGTGATGCCT TCGACTTCCG AAGTAGCTAT ACTTGCAATA	1620
40	ACAGATAGCA CTTCTGGCGC TATTTCTACT TTACCTAATT TTGAATTTGA ATAATCAGTT	1680
	ACTTTGACCA TGGATTGACC TCCTATTAAC CTTTCATCATT CATAATGCTA TTTTGCTCTA	1740
45	AAAAGTTTGT ATTAAATTTA CCGCTTCTAA ATATATCGTT ATTCAATAAT TTAATATGGA	1800
	ATGGAATAGT TGTATCAATA CCAAGAACCA CAAATTCAT TAGTGACGA ATGCCAGCCA	1860
	TAATCGCTTC ATCTCGTGTC GGTTCATGTA TGATTAATTT CGCTACCATC GAATCATAAT	1920
50	ATGGCGGTAT CGTATAATTA GTATAACATG CTGACTCTAT TCGAACACCA TATCCACCTG	1980
	GTGCAAGATA TTGCTCmATT TTACCTGGTG ATGGCATAAA GTTCTTGTA GGATTTTCAG	2040
55	CATTAATTCT AAATTCAATT GCGTGTCTCG TTAATTTAAT ATCTTCTTGT TTATACGGTA	2100

ACCATTTGGA TTTTCAGGAA AGGATTTAGA ATAAATGACA GAACATAAAT CAGGATTTGT 5280  
 TTCAATTATA GGTAGACCAA ATGTAGGAAA GTCAACATTT GTTAATAGAG TGATCGGCCA 5340  
 5 TAAAATAGCA ATCATGTCCG ATAAAGCTCA AACAACTAGA AATAAAATTC AAGGTGTTAT 5400  
 GACAAGAGAT GACGCGCAAA TTATATTCAT TGATACGCCA GGTATTCATA AACCTAAACA 5460  
 CAAATTAGGT GACTATATGA TGAAAGTCGC TAAAAATACA TTATCTGAGA TAGATGCAAT 5520  
 10 CATGTTTATG GTTAATGCCA ATGAGGAmAT TGGACGAGGC GATGAATATA TTATAGAAAT 5580  
 GTTGAAAAAT GTTAAGACAC CAGTATTTTT AGTATTAAAT AAAATAGATT TAGTGCATCC 5640  
 AGATGAATTA ATGCCAAAGA TTGAAGAATA TCAAAGTTAT ATGGACTTTA CAGAGATTGT 5700  
 15 ACCTATTTCA GCATTAGAAG GGCTAAATGT CGATCATTTT ATTGATGTTT TAAAGACGTA 5760  
 TTTACCCGAA GnaCCTAAAT ATTATCCAGA TGATCAAATT TCAGACCATC CTGAACAATT 5820  
 20 TGTAGTGGGT GAAATCATTC GTGAAAAAAT CCTTCATCTT ACAAGTGAAG AAATCCCTCA 5880  
 TGCGATTGGT GTTAATGTGG ACCGTATGGT TAAAGAAAGC GAAGATCGTG TTCATATCGA 5940  
 AGCAACTATA TATGTTGAAA GASGTTGCA AAAAGGAATT GTCATTGGAA AAGGCGGTAA 6000  
 25 AAAGTTAAAA GAAGTAGGaa AAcGTGCGAG ACGTGAtATA GaAATGctTC TAGGCTCTAA 6060  
 AGTTTACTTA GAATTATGGG TCAAAGTTCA AAGAGACTGG CGAAACAAAG TTAACTTTAT 6120  
 TCGCCAAATT GGTATGTTG AAGACCAAGA TTAATCTTAA AAGTGGTGAA GATAATTGTT 6180  
 30 AATGCGCCAA AAAGGGATTA TCATCAAAGC AGTTGATTAT GGTGAATCTG ATAAAATTAT 6240  
 CACGATTTTA AATG 6254

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 405:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3710 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 405:

45 GTTGTTCTAA ATGTTTCTTG natGAAACGA GTCAATGTAA ACTGATATTG CTGTATTTGT 60  
 TGCAGCAATT CATATTGGTC TGGTGTGCA ATAACAGCAG CTTGAGTTGG AGTCGCAGCT 120  
 CTGATGTCTG CAGCAAAATC ACTTAATGTA AAGTCTGTTT CATGACCAAC TGCTGATATA 180  
 50 ATCGGTGTCT TACAATTATA TATTGCACGG ACGACAGCTT CTTGTTGAA ATTCCATAAA 240  
 TCTTCTATGG ATCCACCGCC TCGACCTACA ATAATGGTAT CTACACCTAA ACTATCTGCA 300

	GCAACGTATA	TATGTTAATG	CCATGAAAAA	TAATGATTTA	GTATTTGGTA	TAGGTCCTGC	3480
	TGGTACAGGT	AAGACATTCT	TAGCTGTAGT	TTATGCAGCA	AAGCAACTCC	GTAAAGGTGC	3540
5	TGTTAAACGT	ATTGTATTAA	CAAGACCTGC	TGTTGAAGCA	GGAGAGTCAC	TTGGATTTTT	3600
	ACCAGGAGAT	TTGAAAGAAA	AGGTAGATCC	ATATTTAAGA	CCTTTATATG	ATGGTCTATA	3660
	TACTGTTCTT	GGGCGTGAAC	AAACAGAGCG	ATTTATTGAA	AGAgGCATTA	TCGAAATAGC	3720
10	GCCACTTGCA	TATATGCGCG	GACGAACATT	AGAAGATGCA	TTTGTAATTC	TTGATGAGGC	3780
	GCAGAATACG	ACACATGCGC	AAATGAAAAT	GTTTTTAACA	AGACTAGGTT	TTGGCTCAAA	3840
	AATGGTAGTT	ACTGGTGACC	AAACTCAAAT	CGATTTACCT	AAAGGTGTTA	AAAGTGGACT	3900
15	TAAGGAAGCG	GTCAGTAGGT	TACACAACGT	TAAAGGTATA	AGTATATTGA	AATTAGATCA	3960
	GAGCGATGTA	GTCagACATC	CATTGGTAAG	TAAGATCATT	GAACATTATG	AAGGAGAGAA	4020
20	TTAAATGTTT	ACGATAGATT	TTAGCGATCA	CACAGGCTTA	GTTAAAGATG	CTTGGTATAA	4080
	ACAAATTGAA	GATTTATTAG	AATTTGCTAA	AAAAGAAGAG	CATATAGAAG	ACGATGCTGA	4140
	GCTTTCTGTT	ACATTTGTAG	ATAACAAGA	AATACAAGAA	ATTAATCGAA	CATATAGAGA	4200
25	TAArGwTAAr	GTTmCaGATG	tAaTCyCaTT	tGCTTTAGrA	GrAGATGAGC	CmGaGATkGA	4260
	TtTTAGTGGT	CTTGATATAC	CACGTGTTTT	AGGGGATATA	ATTATCTGtA	CGGATGTAGC	4320
	GCAAGrACAA	GCAAACAATT	ACGGACATTC	TTTTGAACGA	GAATTAGGAT	TTTTAGCATT	4380
30	ACATGGATTT	TTGCATCTAT	TAGGTTATGA	TCATATGACT	GAAGCGGATG	AAAAGGAAAT	4440
	GTTTGGTCGA	CAAGATACAA	TATTAAACGC	ATATGGATTA	ACACGAGACT	AATTATGAAA	4500
35	AGGTTTAAAT	ATGCACTTGA	TGGGCTGAAA	ATCTTAATTC	AAAAAGACTA	TAAATTTCTT	4560
	TTACATGTGT	TTGCAATGAT	TGTTGCTATT	GTCTTTGGTC	TCGTACTAAA	TATTAATCGG	4620
	ATTGAGTGGA	TATTTATACT	CATTGCTATT	GCATTAGTTC	TCACTGTTGA	AGCTTTAAAC	4680
40	ACTGCTATTG	AATATGTTGT	CGATTTAGTG	ACCGTTGAAT	ATCATGATTT	AGCTAAATAC	4740
	GCTAAAGATA	TTGCGGCTTT	TAGTGTACTT	ATAGTTTCAA	TATTAGCATT	TATTATAGGT	4800
	TTAATAGTAT	TTTTACCACA	TTTTATAGCG	TTATTTTAGG	GAGGCATATA	TGAGTTATCA	4860
45	ACCTCATTAT	TTTCAAGAAG	TTAGAAAAGC	ACAACAAGAA	TCATATTCGC	CATACAGTCA	4920
	ATTTAAAGTA	GGGGCTTATT	TAAAAmCGAA	AGACgGTAGA	ACTTTTTTATG	GTACCAATGT	4980
	AGAAAATGCT	TCTTATCCAT	TATCGATATG	TGCTGAACGA	GCTAGTTTGG	TATCGGCAAT	5040
50	TTCTCAAGGA	TACAGACCAG	GTGATTTTGA	ATCAAtAACT	GTAACCGTAG	ATGCAGATAA	5100
	ACCGTCATCA	CCTTGTTGGTG	CATGTCGTCA	AGTTTTGAAG	GAATTATGTG	ATGATGATAT	5160



EP 0 786 519 A2

	AGTAAGCATC ATACAGAAGT ACTTGAAAAC CCAGATAATA TTTCTAAAAC AGTTTTAAGC	1680
	AAAGGTTTAG ATTCAGGTAC TGCATTTGAA ATTTTATCAA TTGATATTGC TGACGTTGAT	1740
5	ATTAGTAAAA ATATTGGTGC AGACTTACaA ACTGAACAAG CATTAGCAGA CAAAAATATT	1800
	GCACAAGCAA AAGCTGAAGA ACGTAGAGCT ATGGCTGTAG CAACTGAGCA AGAAATGAAA	1860
10	GCGCGTGAC AAGAAATGCA TGCTAAAGTA GTTGAAGCCG AATCTGAAGT ACCATTAGCT	1920
	ATGGCTGAAG CATTACGTTT AGGTAATATC AGTGTTAAAG ATTATTATAA TTTGAAAAAT	1980
	ATCGAAGCTG ATACAGGCAT GAGAAATGCA ATTAATAAAC GAACTGATCA AAGTGATGAT	2040
15	GAGTCACCTG AACATTAAGT CGAGAGGTGA TTAAATGAGT GTCGGTATTC TAATTTTTGT	2100
	CATATCAGTG ATCATTCTTA TCATTACTAC TATGCGCGAA AATAGTCATA AAGATAGACA	2160
	AAATCAAAAG CCACCTCAAA AAACATCTAC CGATAATGAA CCAAAAAAAG GTGGCTTTTT	2220
20	TGAAGAAATT GAGCGAACGT TTAAAGAAAT AAGTGAAGAA TTAAATGAAG AAGAAAAGAA	2280
	ATCATCGAAA CGAAAATATG ATGATACGTT ACCACCTTTA TTCGATGAAC TTCCAAAGGA	2340
	AGAGCCTAAA TCGAAACCTG TTGTAGAACC TATGGCACCT AAAAAACAAC AAGAAACAAA	2400
25	ACCGATGACA GAGAAACCAA TCACAGTGCC TAAAGCAGAA CCGGTGGAGC AGAAACATAG	2460
	ACCTTCTAGA CAAGATAATT CTGACGAAAT TAGACGTCAA TTAGAAAAAT CACTTAGAGA	2520
	TGATATTAAA ACGATTCTGA CTGACATTGA TAGAGAAAAA GAAAAGCAAA TTGCTAAAAT	2580
30	GGAAAAACGT GCTAGAGATA TTATTGAGGA TAAATACTTA TCTGAACGTA CAAAACGTTT	2640
	GAAATTAAAG CAGCTGCTTA ATTCTCAAAA TGTCGAAAAA GATTTGACTA AATCAGCGTT	2700
35	CCAATTTGAT AAAGATGAAG TAATCAATGG TATGATATGG TCAGAAATTT TAGCTAAACC	2760
	AAAACAATTA TAAAATTTTT TGAAAACAAG CACTATCGTA ATGGTAGTTG CTTGTTTTTT	2820
	TACGTTAAGG AAAATTAAAA AACAAAGAGA ATTTTTCGAG AAATATTAGT TATTTAAATT	2880
40	ACAGCAAAAA ATTGATTAGT CTAAAATTGA ATCTGCTTTT ATGACAAGGT GAAAAGTATA	2940
	AATGATTATT TTAAATTAAA GAAAAATGAG TAAGTCAATG CAAAGATGTT TAAATCAATC	3000
	AATTGCATGA TATAATTAAG TAGATATTAA AGCATCATAG AATGAATATA AATGATATAT	3060
45	GAAAAGGAGC GCGTGATATG CTGGAATTAT ACAAATAGAC GATATGAACC AATCTCAAGC	3120
	TTTAATTGGA AATAATGATG AACATTTAAA AGCAATTGAA GAGAGTTTCG ATGTTGTCAT	3180
50	CCATGCAAGA GGACAAGaAG TTGCCGTTAA AGGTACAAAA ATAGAAAACG TAGAAAAGC	3240
	GGAATCAGTA TTAATCAATT TGCTGAAGGT TATTGATTTA GGTAATAATA TTACAATTAA	3300
	AGATGTTGAA GCAGCTATTA AAATGGCGCA TAATAACACA ATTCAACATC TGTTAGATTT	3360

55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 404:

	ATTTAAACGT TCAGTTTCTA AAAGTGAAC AATCCAAGAA GTACGTAAAC GTGAATTTTA	60
10	CGAAAAACCA AGCGTAAAC GTAAAAAGAA ATCAGAAGCT GCACGTAAAC GTAAATTCAA	120
	ATAATTAATA CCTCTGTTGA CTCCCTCAAC ACGAATATTA ATTATATAAA ACAAACATCA	180
	CAAGTTAGTG TCTGACACTA ATATGTGATG TTTTTTGTG GTCAATTTTT AATTAAAAAA	240
15	AGTTATATAG TTTATAAATA ATCAAATTGA TATTCTATAG GTTCTTATAA CTATAAAGTA	300
	TATTCAATTT CATGTATAAT TAATGTGAGG GCGAGGTGAA ATTGTGAGTT ATAATAATTT	360
	TTTACAAATG ACAACTATCT TGGAATCAAC GGCTGGAGAT ACTTGGGTTG AACAAAGTTAG	420
20	CAATATAATT GTTCAACCTA TTTTACGTT AATATTAACC TGTTTGACAT TCTTAGGATT	480
	TGTATATCAA CTTTACTCTA AAAAAATCAA TGCAGCTGGT ATTATCGCCA CATTATCATT	540
	ACTTATTTTA TTTTGGGAT TTCTAATCCA AGGAAATGTC AATATGCATT CTATCTTAAT	600
25	ATTCTCAATT GCGGTTATAT TAGTTGTAAT TGAATTATTT GTAGTTGGTG CAGTAATTGG	660
	TATTATTGGC ATGATACTGA TAACTATAAG CATAACAACG CTCGGTGATA ATTTGCTATT	720
30	TATGCTTGCG AATGTTATCG TTGCCTTGAT TTTAACGATT GTAGAATGGG TGATATTAGT	780
	GAAGATTTTC AACAGAAAGA TTCCGTTTTT GGATAAAGTT ATCTTAAAAG ATTCAACTAA	840
	TTCTGAGTCA GGTTACAATT CTCATGATAA CCGCTCGCAC CTCGTAGGAA AGACTGCTCA	900
35	AACAGTTACA GATCTTCGAC CTGCAGGGAT TATTTTTTGT GAAAATGAAC GTATTGATGC	960
	TGTTTCAGAT GGCAACTTTA TTTTGCACAA TAAAACGGTA AAAATCCTTG AAGTTGAAGG	1020
	AACAAGAGTA GTTGTGAGGG AAGTAGATTA ATTAAAAGGA GCGATACCAT GTTTAGTTTA	1080
40	AGTTTTATCG TAATAGCAGT TATTATAGTA GTTGCATTAC TTATTTTATT CTCATTTGTA	1140
	CCCATTGGTT TATGGATTTC AGCGTTAgcA GCTGGCGTTC ATGTTGGTAT AGGTACATTG	1200
	GTGTTGATGC GTTTACGTCG TGTATCTCCA AGAAAAGTTA TAGCGCCATT AATTAAAGCG	1260
45	CACAAAGCAG GACTAGCATT AACACAAAC CAATTAGAAT CGCATTATCT AGCAGGAGGA	1320
	AATGTTGACA GAGTTGTTGA CGCTAATATT GCTGCACAAC GTgcTGACAT TGATCTTCCT	1380
50	TTCGAACGTG CTGCTGCAAT TGaCCTTGCA GGACGTGACG TATTAGAAGC GGTTCAAATG	1440
	TCTGTTAATC CTAAAGTCAT TGAAACACCA TTTATCGCAG GTGTAGCAAT GaACGGTATT	1500
	GAAGTGAAAG CCAAAGCTCG TATCACAGTT AGAGCTAATA TTGCTCGACT TGTGTTGGTGGT	1560

GTTAAACAGT TAAAAGATAA AGTGTCTAAA ATTGTGATT C AAATGAATAC ATTTGAAGAT 240  
 GAAGCAAATG ATGTTCTTGT TAATGCTGTT TATGCAGAGA AATTAATTCA ATATGGAAAT 300  
 5 AGATATCGTA AGGACTATAG CAATGTTGAT AAGAGCTTAA ATGAAGCTGA ACGATTATTT 360  
 AAAAATAATC GCTATAAGCg TCGGATTGAA ATTGCAGAGC AAGCTCTTGA AAGTGTTGAG 420  
 CCAGGTGTTA CTAAACATAT TGAAGAAGAA GTTATTAAGC AATAGAAACT AGTATGTAGT 480  
 10 TATACTTAAA TAATATGAGC ACTCTGTCAA ATTGGACTGA TGAGTTTAAT AATTGAAGTT 540  
 AGCCAACGAT ACGTTGTCTA GCTTCTTTTT TATATGGATA AATGaAAGGG ACAATAAATA 600  
 15 TAAATAGCAA TTGTTTAAAG ATAAACGTAA TCAAATGTGT TGTTTTAATT AATATAAGTA 660  
 GTGAAAAAAG CATAATCACA CAGCTGTTTA AATAGAGTGA AATAGTCTAA TTCTTATTTA 720  
 ATAAGTAGAA ATAAGATTAT 740

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 403:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 630 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 403:

30 ATGCCAATAA TTAAACCATG TAATAAATAT ACGTATAGCG TACGACTACC AATATAAGTA 60  
 TATAATTTTT TCTTTGTTGA CATTAAATTT AGAAACGCAG TCATTGCGAT TAATATAATT 120  
 35 CCATATAATA TAAGTCGTTT AAAAGGACTG AATATACTCT GTCCTTCATT TTCAAGTGAA 180  
 GTATATGGTG AACTTCCCAA TAACCAATCT GCATTGATAG GATGAATCAC GTAAACGATA 240  
 AAAAACAAAA TAAAGGTAAT GATAGATACT GGTATTAGTT TTTTATTTTT AAAAATAGCC 300  
 40 GTATGTTTTT TGGTGAAAAT GTAACCTAGA TAAAATATTG GGAAAAATAC GATTGTCCTT 360  
 GAAATGCTTA AGTAGCTATC GATGTTATCT GAAAAACCTG CTCCAATAGA TATAATAATT 420  
 GAAACTGATA GCACTTTATA TGGATTAAAT CTTCTAACTA TTAATAAAAT GACATGAAAG 480  
 45 AAAAATAGCG TGATCAAAAA CCATAACGCA AATACTGGGT TAAAAGGATC AAGTTGTAAT 540  
 TCGTCACTTT TACCTGTTAA GAAATAATAA ATTGAAAAGA ATGCAAAAAA TATCATATAA 600  
 50 GGTACTATCA AACGTTTGA AATTTTTTCT 630

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 404:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6254 base pairs

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 401:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 847 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 401:

```

CCAGAATTAT TTTTTCAAAA AGGACAATTT AACAATGTCG ATAACGTTAT CATAAGCAAA      60
CCGATGAAAG GGACAATGCC TAGAGGTAAA ACGGAaGCTG AAGATCAACA GTATTATAAA      120
ACATTGCAAA CTTCTTCGAA AGATCGTGCA GAAAATGTCA TGATTGTTGA TTTACTAAGA      180
AACGATATAG GGAGAATATC ACAGAGTGGC TCAATTAAGG TGTATAAACT ATTTTTTATT      240
GAGGCATATA AAAGTGTATT TCAAATGACT TCGATGGTAA GTGGAAC TTT AAAAATAAT      300
ACAGACTTAA CTCAAATTTT AACATCGTTA TTTCTTGTG GTTCGATTAC AGGTGCACCG      360
AAACTGAATA CAATGAAATA TATTAAACAA TTAGAAAGTT CACCTCGTGG TATATACTGC      420
GGACAATTGG ACTATTACTT CCAACTGAAG ATGATAAAAT GATTTTTAAT ATTCCGATTG      480
GCACTATTGA GTATAAATAT GGACAAGCGA TTTATGGAGT CGGAGCAGGT ATTACAATTG      540
ATTCTAAGCC AAAAGATGAA GTGAATGAAT TTTACGCAAA AACCAAGATT TTGGAGATGT      600
TATAATGCAA TTATTTGAAA CAATGAAAT TGATAATGGA CATATCCCTA GACTTACTTA      660
TCATACTAAT CGCATAAAAT GTTCTTCTGa GCGATTAAAC TTAAATTTG ATGAACATGC      720
ATGGCGAAAT GAATTAAACG ATGTAACAAC AAAGTATCAC AGTGGTCAAT ATAGACTTAA      780
AATCGTATTA AATGCTGAAA GCAAATTTGA AACGATAGTG TCACCTTTAC CTGAGAAAAA      840
TAGTTTTT                                     847

```

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 402:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 740 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 402:

```

TGAAGATGAA GCAGAAGCAG AAGACAATCT GCTACGAGTA CAATCGAAGA AAGAAGAAGT      60
GTATCGTCGA TTAATTGCTT CTAACCTAAC AAGCGTTCCT GAAAGTTAT CATCATGAAA      120

```

ATGTTTGCAG TTTATGTATC AAATAGTTTG TTTACGTTGA TTAATTTATC AATCACAATT 540  
 CAAGCAATAA AAGCTGCACA CGGTGCGTAC TTAACATTGC CAATTTTAAAT TGTATTATA 600  
 5 GGTTCGGTTG CATTAGCGAT TTATATGCTT GTTGTCTTA TCAAACGTAA AAGTACATT 660  
 AATCGCTAGA AAATTGATTT TAACAATAAA AATATGAAAA AAAAnn 706

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 400:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1187 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 400:

20 ACACAATCTG AAGATTCACG TTGTGGTGCT GGACATGATC GAAAAATTAG AGCTGAACAA 60  
 ATGAnAGAAA TCAGTGATTT TGTAAAAAG AAAAATATCC CTAAAGATGA AACGGTATAT 120  
 ATAGGTGGCG ACCTTAATGT CAATAAAGGC ACTCCAGAGT TCAAAGATAT GCTTAaAAC 180  
 25 TTGAATGTAA ATGATGTTCT ATATGCAGGT CATAATAGCA CATGGGACCC TCAATCAAAT 240  
 TCAATTGCGA AATATAATTA CCCTAATGGT AAACCAGAAC ATTTAGACTA TATATTTACA 300  
 GATAAAGATC ATAAACAACC AAAACAATTA GTCAATGAAG TTGTGACTGA AAAACCTAAG 360  
 30 CCATGGGATG TATATGCGTT CCCATATTay aCGTTTACAA TGATTTTTCA GATCATTACC 420  
 CAATCAAAGC CTATAGTAAA TAGTGCTCAA CTAACATAA ACTTGCTtCG TTCTAAAAGG 480  
 35 ACGAAGCGAG TTATATTGTT AAAATTTGAA TTGACTTACA TTTTAATAAA ATCATCTTAA 540  
 CAACTTTAAT TTTTCaTTAA TACAaGTCTT TACTCTACAC TCAAACnAGA TTCATACACT 600  
 GCACGTCATA ATAAATCTAT CTATTCAAAT ATAAATAAAA GTTACCTACT ACATTCTATG 660  
 40 TAGCAGGCAA CTTTTATTAC TTATTTCTTT TCATTATCAT TAAGTACTTT TACAAACTTC 720  
 ACATTATGTG TCTTCCAATC AACTTCATAT AATGCTGATA ATTTTCTTTC TTTTTTATCT 780  
 ACATGGTTTT CACCAGACCA ATAGCCCCAG AAACCATGGC GATTCCAATC TATTTTAAAC 840  
 45 TCATCCATTG ATCTTTTATA ATGAACAACA AATTGTGATT TACCTTTGTC TTTTTTATCA 900  
 TGTGACATAA CAGCTAAAAA TTCTGGATTA AACCTTCAG ACACAGTTAC AGGCATTTTG 960  
 TCTTTAGGTG TGAAATTATC TTTCGCCCAT AAATTTCCAT TTCGTGTAA AGAAAAAATT 1020  
 50 TCACTTTTAG TTCTATTATC ACTATCATTG GTTAATTGTC TCGTATGGTC ATGTCCCATA 1080  
 TTATTTATCA AATGTGCTTC TACTTTCCAA CCTACACCTT TATGTGACGT AGATTGATCA 1140

AATGTGGGGT CGTATAAGAG CTTGTAATGC TTTTGGCGT AATTGATAAC TGCTTTAAAA 300  
 CCTGCCCACA CAGATCGTGC ATAGTCAACA GAAAGACCTG CATCGTTTAA CAAATAATTC 360  
 5 CTGAAAGCAG TACATTGCGT AGTAGTGATT TTGCCAATAG GGATATTTC GAACCTTTCT 420  
 TTTATGTGAG TATTATATTC TGTAGTTCGC TTTTCTATTG AGCGTGCAGA AAGATTTTCA 480  
 TTTTTTAAAC GATCAAAAAA TATATATTCA AAGGGTTGAT TGTCCGAGTA TCCATATTTA 540  
 10 ACATTTTGTA TAAATTCGCT TTCAGCTAGT TTGGCATCTT TCTTACGTTT AAACCCACGC 600  
 TTCATTTTTC GTTTGTTATT ACCGTATACA TCTTTATATC TAATGGAAAA ATACCATTTA 660  
 CCTGTATTAT CATCCTTATA TACTGGCATT TTGCTTCTCC CTCCTCAAAA TTGGCAAAAA 720  
 15 ATAATAAGGG TAGGCGGGCT ACCCGAAATT TAGTACTAGG TACTAAATGT GATATAATAA 780  
 AATAAAAAGT AGGTGATGTT ATGACATTTA AAAACAATCA TAATTTCAAT GAATTAGTTT 840  
 20 TAACGAATGA AGACATTAGA ATTTTAAAAA ATGTCTTAGA AGATGCAGTC AGTGTTTATG 900  
 ATGAATATTC GGTATGTAAT GAAGAATCCG ATTTTGCTTA CTGTTTATTA AGAGACTTAT 960  
 ATACATTAGA CAGCTTAGCT ATTTGCTCAA ATAATGTTTG AATTATCGAA TTGTACTCTT 1020  
 25 CGATTTTAAT ACCATGCATA ATAGAGTTTC TGTGTTCAAT AGCAGCTTTG ACTGAATGtK 1080  
 TTAAATGTTT TCTATTAAA TCGTTGTTTt CCAtTTCGtK TAaAAATGtT CyTATATTCC 1140  
 T 1141

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 399:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 706 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 399:

40 ACTGTGGTAG GTTTTTTATT TTGAAGTATT AATCATAACA GACTAATAAT CATGAGGTAA 60  
 CTAATAACAC ATATTTAACT TGTATTCTTA AACTGGTATA ATAAATTTAT GTTGAAATGA 120  
 ATATTGTATG ACAGGGTATT CACTTTTATT AAAAGGTAAA ATTAAATAAA GGTTTTATAG 180  
 45 AACGTATTTA AATATATGAG GAGTAAACAA ATGGCTGATA GAACGAATAA AGAAATTAAA 240  
 ACAGGACGCT TTATTGCAAC TGCATCAATC GTATTCTCAA TATTATTGAT TATTCATTAC 300  
 50 TTTGTTTCGT TGGATAATGC GACTGCCAAA GCATTACTTA ATTTAACGAA TCAAACACT 360  
 TCAGATAAAG CGATTGATTA CATTTTAAAC AGCTTTAGAT TCACTGGTAT TATGTATATT 420

TATCATTGCC ATGTTTTCCA CTTCTTTCAA TAAAAAATAA AATGACTAAA TTGCTGCTTG 1080  
 AGCTTCACGT TTGTTAAGAT AACAAATATCC GCTAGCAGTT tTGACTACAA AGCATATATG 1140  
 5 GaCTTTCaCT ATCAAGTCGC CGCCCATGCC TTATATACAT TTAAAnGAG CCTGAACAAA 1200  
 GTTCAGGCTC TCAATTTGTC CGTATATTTA TTTTACAATA CGACTTAAAG CCGTATCAAA 1260  
 TGCTTGAATC GTTTTTCAAT ATCTTCTTTC GTGTGTGCCG TAGATAAGAA TGTACCTTCA 1320  
 10 AATTGAGATG GnGGnAAAAA CACACCTCTT TgNCATTCTC GGTACATTTc TGCAATAATT 1380  
 TCC 1383

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 397:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 415 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 397:

25 TCCACTAaNA TGATTACAAT TGCATTAGTT TGGTGGAGTG CATTTACAAT CTTAACGGGT 60  
 ATGATTAAGA ACCACGGTTT AATTaTTTAG TGAGATTCTT ATTTGGTGTA GGTGAGGCGC 120  
 CAATGTACCC TTCTAATGCT GTGTTTAATT CATTTTGGTT CTCTAAAAAT GAAAAAGGTA 180  
 30 GAGCATCAAG TGCATTATTA GCAGGATCAT ATTTCCGACC TGTATTAGCA CCAATAGTTA 240  
 CAATTGCTAT TGTTAACGCA TTAACTGGC AAGCAGTATT TTACATTTTT GGTGCAGTAG 300  
 GTATTTTAAT GGCKGTATtA TGGGCGATTA TTGCCAAAGA CTTACCTGaG CrACATAGwa 360  
 35 TGGTTAATGA AGCGGAGAAA CGTTTCATTA TGGAAATCG TGATATCGTA GCTAC 415

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 398:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 40 (A) LENGTH: 1141 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 398:

TTTTAGaTaA aTyCAATtNt CyATaCTaAA TgATtNtCTT ATTaCGTCAA TtCGCCTTTT 60  
 50 aTTTTATCGT AATCTTTCCa CTGCAAAGCT AAAGCTTCTC CTATTCTAAG ACCAGAATAA 120  
 AATAACAGTC TAGTTAGCTG ACGAGAAGTA TCATTGTGTA TTTGTTCTAC TTTTTCATCA 180

GCGATGAAGC AAATATTGAA AAATTATTAA ATAAGCTTGG TAATACAACT GATCGTCGTG 1020  
 CGCAATTTtGT TTGTGTCATA AGTATGAGTG GCCCTGATAT GGAAACAAAA GTATTTAAAG 1080  
 5 GTACTGTTTTC AGGTGAAATT GCAGATGGAA AATATGGCGA AAATGGTTTC GGATATGATC 1140  
 CGATATTTTAA TGTACCGAAA TTAGATAAAA CCATGGCTCA ACTTTCAAAA GAACAAAAAG 1200  
 GGCAAATTAG TCATAGACGA AATGCGATTA ATTTACTTCA AGCTTTTCTT GAAGGTGATA 1260  
 10 AAAATGTCTA AATGGATTAT TGTGAGTGAT AACCATACTG AATCAGGCGT TTTATATCAA 1320  
 ATTTATGAAA TGCACCCAGA TGCAGATGTA TATTTACATT TAGGA 1365

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 396:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1383 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 396:

25 AATTCCTGGT GCAATAATAA ATAGGATGAA AAAGATTCGG AAAATATGAT AACTCGTAAT 60  
 CATAGCAACA TCGGCACCAG TAGCTAATGC AACTAAACT ATCTGATTAA CCCCTCCTGG 120  
 TGCTGCACCA AGaAACAATT CATTAATAGG ATTATTATCA AAGAAATGTA TGATATAAAC 180  
 30 CATGATTAGC GCACCAATTA TCAACATAAT ATTTTGAATT GTAATTGCGA TTGCTAGTCT 240  
 ACCTTTTAAA TCTGACAATA AATGCGCAAT TTGAACTCCA ATTCTAATCA TATATATTAG 300  
 TTGTGCCATG TTCAACAACC AATGATCTAG TGTAATGTT AAACCTGTAG AAAAATTCCA 360  
 35 AACAAATTAAT ACAATGAGTG GTGCTAATAA TTGAAATGTT GGAAACTTTA TTTTAGACAT 420  
 AATTAGATAA ACTATAAAGA TAGCTATCGC TAAATAACT ATTTGCCCTA TGTTTAATAC 480  
 TTGTGATAAA GGCAAGACTT TTGTAACTT TCCATTGCGA TGCATGTTAC CATCATGAAA 540  
 40 AAAATATGAA ATGAACGGTA CTAACAAC AACAAATATA ATTCGTGATG TTTGCGTTAA 600  
 GCTAACAACT AACAAATTAG CACGTTTGTG TTGTTGAGCC ATGACCAGCA TTTGTGTTAG 660  
 TGCTCCTGGT ATAACACTTA AAATAGCTGT TTCTGTATTA ATACGTGCAA TTTTTTTAAA 720  
 45 AACAAATGCC ATTACTATTG CAATTAATAA TATCGAAATA GATACAACAA TAATCGAAAG 780  
 CCAATTGTTT TTAATATCCA TAACGACATT TTTCGTAAAC GTTGATCCGA TTTGCACACC 840  
 50 TAATAGTACA ATACCTAATT CACTAAGTAA GAATGGCCAT TTAATATCAA GTTTGAAAAC 900  
 TTTTACACAA ATGATTGATG CGATAATAGG ACCAAACATA AATGGAAGTA ATACGTGCGA 960



GATTAAAACG TTTAGAAATT GAAGAAGCAC AAGCTGGAGA TTAAATTGCT GTTTCAGGTA 900  
 TGGAAGACAT TAATGTTGGT GAAaCTGTAA CACCACATGA CCATCAAGAA GCATTGCCAG 960  
 5 TTCTACGTAT TGATGAGCCT ACTCTTGAAA TGACATTTAA AGTTAACAAT TCTCCATTTG 1020  
 CTGGCCGTGA AGGTGACTTT GTAACAGCAC GTCAAATTCA AGAACGTTTA AATCAACAAT 1080  
 TAGAAACAGA TGTATCTTTG AAAGTTTCTA ACACAGATTC TCCAGATACA TGGGTAGTTG 1140  
 10 CTGGTCGCGG TGAATTGCAT TTATCAATCC TTATTGAAAA TATGCGTCGT GAAGGTTATG 1200  
 AATTACAAGT TTCAAAACCA CAAGTAATTA TTAAAGAAAT AGATGGTGTA ATGTGTGAAC 1260  
 CATTGAACG 1270

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 395:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1365 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 395:

AAGACCAGGA GAACAmGTAA AACAAATATAC AGTTGaaATC GCTCGTAAAT TAATGGAATT 60  
 TGATATAAAA TGCTCGTGAT TGCTTGTAAG TACGCAACTG CTGTnGCTTT AGAATATTTA 120  
 30 CAAAAGACCT TATCAATCCC CAGTGATTGG CGTAATTGAc CAGGTGCTAG AaCAGCAATA 180  
 ATGACTACTA GAAATCAAAA TGTATTAGTA CTAGGAACGG AAGGCACAAT TAAATCTGAA 240  
 GCATATCGTA CGCATATTAA ACGTATCAAT CCACATGTAG AGGTACATGg CGTTGCCTGT 300  
 35 CCAGGTTTTG TGCCACTTGT AGAACAAATG AGATATAGTG ATCCAACAAT TACAAGCATT 360  
 GTCATTCATC AAACACTGAA ACGTTGGCGT AATAGTGAGT CTGATACTGT CATTTTAGGA 420  
 TGTACCCACT ATCCATTGCT CTATAAACCT ATCTATGATT ATTTTGGTGG TAAAAAGACA 480  
 40 GTGATTTTCGT CTGGATTAGA AACGGCTCGT GAAGTTAGTG CATTGCTAAC ATTTAGTAAT 540  
 GAACATGCAA GTTATACTGA ACATCCAGAT CATCGATTTT TTGCAACAGG TGATCCTACT 600  
 CACATTACTA ACATTATCAA AGAGTGGTTA AATTTATCTG TCAATGTGGA ACGTATATCA 660  
 45 GTGAATGACT AGGAGGATTT TTAATGAAAG AGATTGTTAT TGCATCGAAT AATCAAGGGA 720  
 AAATAAATGA CTTTAAAGTA ATATTTCAG ATTACCACGT AATAGGTATT TCAGAACTAA 780  
 50 TACCAGATTT TGATGTGGAA GAAACAGGAT CAACATTTGA AGAAAATGCT ATATTAAAAT 840  
 CAGAAGCTGC TGCAAAAGCA TTGAATAAAA CGGTCATAGC TGATGACAGT GGACTIONAAG 900

AGTGTAAGT TTTCAACATA ATACTATTAG TTCGGTCATG TATCGGACTG ATGGAAAAGC 240  
 GTTTCACTTT TAATGACTCA TTAAGAACGG CCTGAAAATG TTTGGCGTAT TAAGTGCAAT 300  
 5 GATAGTTTTG ACATTTAGTT TCTAATTGGT CATTACTGCC GAGCAAATCT AGTAGAGTAA 360  
 TCATGTAAAT CTTTAATGTG CCATTTGATT CACTAGCGGT GTTAATAACT ACGGAAATTG 420  
 CATTTCGAC TGAAATTTTT GAAAAATATC AACGTACGCT ACAAATAAAA TTTTAACTG 480  
 10 TTATAAATGT GTCTCAATTT CATATGTTCA TCGACGATAT GAAGCGTATT ATGGTAAAAT 540  
 GAAGAAATAA TAAACTTGTT AATAAATAAA ACATCAGAT TTGACTAAAG CACTTTATTA 600  
 TTGTGTAGAT AATAGTTTTT TAACGAAATA AAAATGGCGA CTGGTTTTAA TAAATCAGCT 660  
 15 AATGAATCAC TACACCTATA AGTATGAATA TAGTGATTAG AATGCTTTGT ATAGTTGGAT 720  
 TTTGCAAAAT TGATGTTA 738

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 394:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1270 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 394:

30 AAAAGTTGTA ATTAAAAGTG GGATTTTACT TAAGnnAGAA GGAACTATT TATATGACTA 60  
 ATAAAAGAGn AGATGTCCGC AATATAGCAA TTATTGCTCA CGTTGACCAT GGTAACAA 120  
 CTTTAGTAGA TGAGTTGTTA AAACAATCTG GTATATTCAG AGAAAATGAA CATGTCGATG 180  
 35 AACGTGCAAT GGACTCTAAC GATATCGAAA GAGAGCGTGG AATTACGATT CTAGCCAAAA 240  
 ATACGGCTGT TGATTATAAA GGTACACGTA TTAATATTTT GGATACACCA GGACATGCAG 300  
 ACTTTGGTGAG AGAAGTAGAA CGTATTATGA AAATGGTTGA TGGGGTTGTC TTAGTAGTAG 360  
 40 ATGCGTATGA AGGTACAATG CCTCAAACAC GTTTTGTACT TAAAAAAGCG CTAGAACAAA 420  
 ACCTGAAACC TGTGTTGTT GTTAATAAAA TTGATAAACC ATCAGCACGT CCAGAGGGTG 480  
 45 TTGTAGATGA AGTTTTAGAT TTATTTATTG AATTAGAAGC AAACGnTGAA CAATTAGAAT 540  
 TCCCTGTTGT TTATGCTTCA GCAGTAAATG GTACAGCTAG CTTAGATCCT GAAAAGCAAG 600  
 ATGATAATTT ACAATCATT TATGAAACAA TTATTGATTc ATGTACCAGC TCCAATTGAT 660  
 50 AACAGTGATG AGCCCATTAC AATTTCCAAG TAGCATTGTT GGACTACAAT GATTATGTTG 720  
 GACGTATTGG TATTGGTCGT GTATTCAGAG GTAAAATGCG TGTCGGAGAT AATGTATCAC 780

	TGGCACATAA TGTTAAAAAA GGTATTATTG CTTGGGGTGA TGATGAACAT CTACGTAAAA	1260
	TTGAAGCAGA TGTTCCAATT TATTATTATG GATTTAAAGA TTCGGATGAC ATTTATGCTC	1320
5	AAAATATTCA AATTACGGAT AAAGGTA CTG CTTTGTATGT GTATGTGGAT GGTGAGTTTT	1380
	ATGATCACTT CCTGTCTCCA CAATATGGTG ACCATACAGT TTTAAATGCA TTAGCTGTAA	1440
10	TTGCGATTAG TTATTTAGAG AAGCTAGATG TTACAAATAT TAAAGAAGCA TTAGAAACGT	1500
	TTGGTGGTGT TAAACGTCGT TTCAATGAAA CTACAATTGC AAATCAAGTT ATTGTAGATG	1560
	ATTATGCACA CCATCCAAGA GAAATTAGTG CTACAATTGA AACAGCACGA AAGAAATATC	1620
15	CACATAAAGA AGTTGTTGCA GTATTTCAAC CACACACTTT CTCTAGAACA CAGGCATTTT	1680
	TAAATGAATT TGCAGAAAAGT TTAAGTAAAG CAGATCGTGT ATTCTTATGT GAAATTTTTG	1740
	GATCAATTAG AGAAAATACT GGCGCATTAA CGATACAAGA TTTAATTGAT AAAATTGAAG	1800
20	GTGCATCGTT AATTAATGAA GATTCTATTA ATGTATTAGA ACAATTTGAT AATGCTGTTA	1860
	TTTTATTTAT GGGTGCAGGT GATATTCAAA AATTACAAA TGCATATTTA GATAAATTAG	1920
	GCATGAAAAA TCGTTTTTAA TATGTTTATA ATAGAGTAGT ATGGGTATTT ATTATTAATG	1980
25	ACATTATTAC ATGTTAATTA GGAGGCGTTT TTAATGGATT GGATTTTACC AATTGCTGGA	2040
	ATTATCGCTG CGATTGCATT CTTAATTTTA TGTATCGGTA TCGTAGCTGT ATTAAATTCT	2100
	GTTAAGaAAA ACTTAGATTA TGTTGCAAAA AACTTGACG GTGTAGAAGG TCAAGTTCAA	2160
30	GGTATTACTC GTGAAACAAC AGATTTACTT CATAAAGTAA ACCGTTTAACT TGAGGATATC	2220
	CAAGGTAAAG TAGATCGTTT AAACCTCAGTT GTAGATGCTG TTAAAGGTAT CGGTGACTCA	2280
35	GTACAAACGT TAAACAGCTC TGTAGATCGT GTAACAAATT CAATTACACA TAATATTTCT	2340
	CAAAATGAAG ATAAATCTC ACAAGTTGTT CAATGGTCAA ATGTTGCAAT GGAAATTGCA	2400
	GACAAATGGC AAAATAGACA CTAC	2424

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 393:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 738 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 393:

50	CnATAATATT CnTCAAnCCT TTAAATAGAG GAATAGACTG CCGACAGAGT CCGAGACTTT	60
	GTGGGTAGTT TTTTGTAGTT TGATAACGGA AGTTAGAGGC TCTCTGTCAA ATTGGGCAGA	120

GGCTACTATG AAATCGATGA ATGGAAAGAT TGGTTGAAGC ACGTCTTCGA ACAAGACATT 2280  
 GCCAATTTAT CTATTCATCT TCGTACACGT AAAGAAATGA GTAAAGTAGA TGCACATTGG 2340  
 5 GAATTAATCG AAGCTATTAA AAATTTACGT GACGAAATTG CACCAAATAC ATTGTTAACA 2400  
 ATTAACG 2407

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 392:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2424 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 392:

ATGATGnATG GCnCCGCCAA GAAGTTGAAC CAGTCTATTG GCTAGAATTG CTCAAAAGC 60  
 GAGAcATGTG GTATTCaTAT GTTaGTAgCt ACGCAAAGAC CATCTGTCAA TGTAATTACA 120  
 GGTTTAATTA AAGCCAACAT ACCAACAAGA ATTGCATTTA TGGTATCATC aAGTGTAGAT 180  
 25 TCGAGAACGA TATTAGACAG TGGTGGAGCA GAACGCTTGT TAGGATATGG CGATATGTTA 240  
 TATCTTGGTA GCGGTATGAA TAAACCGATT AGAGTTCAAG GTACATTGTG TTCTGATGAC 300  
 GAAATTGATG ATGTTGTTGA TTTTATCAAA CAACAAAGAG AACCGGACTA TCTATTTGAA 360  
 30 GAAAAAGAAT TGTGAAAAA AACACAAACA CAATCACAAG ATGaATTATT TGATGaTGTT 420  
 TGTGCATTTA TGGTTAATGA AGGACATATT TCAACATCAT TAATCCAAAG ACATTTCCAA 480  
 ATTGGCTATA ATAGAGCAGC AAGAATTATC GATCAATTAG AGCAACTCGG TTATGTTTCG 540  
 35 AGTGCTAATG GTTCAAAACC AAGGGATGTT TATGTTACGG AAGCAGATTT AAATAAAGAA 600  
 TAATTATGAG TAAGGAGTTT TATATAATGA CACACTATCA TTTTGTCCGA ATTAAAGGTT 660  
 CTGGCATGAG TTCATTAGCA CAAATCATGC ATGATTTAGG ACATGAAGTT CAAGGATCGG 720  
 40 ATATTGAGAA CTACGTATTT ACAGAAGTTG CTCTTAGAAA TAAGGGGATA AAAATATTAC 780  
 CATTTGATGC TAATAACATA AAAGAAGATA TGGTAGTtAT ACAAGGTAAT GCATTCGCGA 840  
 GTAGCCaTGA AGAAAtAGTA CGTGACATC AATTGaAATT AGATGTTGTA AGTTATAATG 900  
 45 ATTTTTTAGG ACAGATTATT GATCAATATA CTTCAGTAGC TGTAAGTGGT GCACATGGTA 960  
 AAACCTTCTAC AACAGGTTTA TTATCATATG TTATGAATGG TGATAAAAAG ACTTCATTTT 1020  
 50 TAATTGGTGA TGGCACAGGT ATGGGATTGC CTGAAAGTGA TTATTTGCT TTTGAGGCAT 1080  
 GTGAATATAG ACGTCACTTT TTAAGTTATA AACCTGATTA CGCAATTATG ACAAATATTG 1140

	TATGGCATTG GAGGATTATG TGCAGGTTTA ATTTTCAGCTA TTCTTTTCGAA GAAAATCTCA	480
	ACTAAAGTAT TGATATTTTT GTTATATTTT ATATTAGTCA TAAATTCAGC ACTATTTATT	540
5	TGGATAAACT CAGCATTTTA CTTATTCATA GGATCATTTA TACTAGGCTA CTCAATTTCA	600
	TCAATCAGAA TTTATATGAA TACAGCTATA ATGAACACTG TTTTCAGATAA ATATGTCGGT	660
	CGCTCATTTA CGATATGGAC GTCAATTTCA TTGTTACTGC AAAGTTTAAT TGCTCCATnT	720
10	TTAGGAAGAT GGATTAATGA AATTAATGAT AAATTCGGTT TCTATATTAT ACTCATTTTA	780
	TCCTTACTCA TATTTGTaCA CTGCTGCTTG TTAACAAAAC AGACAAAATA AAATATGCAC	840
	ATAAGAAGA GTGACCGTCA CTCTTCTTTA ACAAGCGACC ATTTATCGaT GGGCTTAGTT	900
15	CTCTCTGCAC CCACACTTCA CTACTTCACT TTTTCAAATC ATTTTTTATG GTCTTAAATA	960
	AATCAGTGAG ATTTGTTGCT TCGGTAAAGT CTAGAATTAA TATCATTTCT TTAGAACCTG	1020
20	GATATGGCGA AACTAATGTA TTATCTTGCA ATTTCTGCTG GGCACTTTTA GTCGCCTTGA	1080
	CCAATAATCT ATTATCATAC AAACCACCTA TAACCACGCC ATCATAATAA ATAATATATT	1140
	CTCCCATCAT CTTTCTTGTC TTAACCGCGT TTGAATTCAC ATGATTTAAA AATAAATCAT	1200
25	GTACATCTTT CTTAGTCGCC ATTGTAATCG CTCCTTCAGT TTTATGTTTA ATCACATTCG	1260
	TATTAATGAT TCATTTCTGTG TTGCTCTTAA TTTTATCTAT AATTATATGC GTAGTTAAAA	1320
	TCAAACCTAT GGAAAAGAAA ATAATGATAA CAATGTTAAG AAATATAGTT ATAAAATTAT	1380
30	AGTTTGGAAG GSTATCGAAT AGCAGAAAAA TAGGTATCGC AAAAAATAAA TCCCACCAAC	1440
	CTAAACTTTT TAAAGAATGC TTTAAACCTT CCATAATATC ACCTTTATAA ATTTGTCTTT	1500
	GTTATAAGAT AACTAAAAAA TCGCTTTACT GTAAAAGTAG CCAAAGAAAA TTCTGAATCA	1560
35	TATTCATAAG TAGTGTATCA TTAATAATGA ACAATTTAAT ACTATAATCC TTGATCTTTG	1620
	TATTGATCAA CTTACCACAA CATTTATTTT AGACTACTCT TAGACTTCCC TTTCAAATGG	1680
	TTGCATCTAT TGAAATTCCT TTTGTATAAG TTAGGCTTTT GTGGTAATAT CATCATGCAT	1740
40	AAAAAATCGA GATACTAATT ATAAAGAGGG TATAAATATA TTATGAAAGA AAATTTTTTG	1800
	AGTGAATTAC CACGTCCATT TTTTATTTTG GCGCCAATGG AAGACGTTAC AGATATCGTC	1860
45	TTTCGACACG TTGTAAGTGA AGCAGCTAGA CCGGATGTGT TTTTCACTGA ATTTACAAAT	1920
	ACTGAAAGCT TTTGCCACCC TGAAGGCATA CATAGTGTGC GCGGACGCTT AACTTTTAGT	1980
	GAAGATGAAC AGCCGATGGT CGCTCATATA TGGGGAGATA AGCCAGAACA GTTCCGTGAA	2040
50	ACGAGTATTC AATTAGCTAA AATGGGCTTT AAAGGCATAG ACTTAAATAT GGGATGTCCT	2100
	GTAGCAAATG TTGCTAAAAA GGGTAAGGGT TCCGGCTTAA TCTTAAGACC TGACGTTGCT	2160

55

AGGTATGAGT CAAACTGAAT ATCAAATAAA ACCTGGTAAT ATAACAAGTA ACTCTGAAGA 840  
 AACAAAGTTTCG ATATCTAAAG TGAGCTGTGA AATATAGGTA GCCATTTCAA AAAATTTAAA 900  
 5 GGTGAATTTG ATAATGTAGC TCAAGGAGAT TGGGTAAAA AGGCGAAGAA TGAAGTGGAT 960  
 GATATTAGTA AGAAATTTAA AAATATTCAA AGAACGGAAG TTTAATAGCT TATATGATTC 1020  
 TTGGAGCTAA GACAGCATGC GTTCATTCAT GCCATTATTA ATATAAGCAC CGCAACAAAA 1080  
 10 AAGCTTCTAA TGTGATACAG GAACCTCATA TTCCGTATCA TGTTAGAAGC TTTTAATGTC 1140  
 TAAAGAACAT CTACATTTTA TCATATTTTC TGACTTATTA AACTTTTATA TAATTAAATA 1200  
 TTTCTTAATT TTCCAAAATA GTGATAAATT TGTGAAATAC ATCACAAATC CCTTTATTTA 1260  
 15 TTTGGAAATT CATGTAATAT TAGACTTGTA AGAAGTTAAT AAATAGAGAG AGACGAGAGA 1320  
 GTTTATATAA ATACTATATA AACATTGGAG TGATGATTAT GAGAAAAGAG ATTGAAGCGC 1380  
 TTATTTTCTC AGACGTAATA GCTATGATAT TTACGTGAAC ACTGGTGTA ATCAAGGATT 1440  
 20 AATTGGTGAC ATCAAAGATG GTTACCTAAC TATTGATTCT ATGCCTTACA TTGATGCTGA 1500  
 GCGTTTGAT CACTTTGCTA TGGAACGTAA ATCGTTAGTC ACTAACTAGT TCTTATTGCC 1560  
 25 AATGATTACT ACCCCTAGTC GCGGCAATT GAAGTGTGAT TGATGTA ACT TGCCCTCGTT 1620  
 GGTGAGCAAT TGAGGGCAGA CCCCTTTAAT TAAGTAAACC CTAACCTCCC ACAATCTGG 1680  
 AACGATACTA AAAGCCACGT CCTATATTGG ATGTGGCTTT AGTCAKACTT ATATTATTTT 1740  
 30 TAAAACGATT ACCTACAAGA TTTACATATA AAATTCTATC ATGnCTGC 1788

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 391:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2407 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 391:

GCAAGTTT TAG TTAAACAGAT ATTAAAACCA GATCAATATA CAGATGCAAA TTCTCTATTA 60  
 45 GAGATTAGTT TGCAAACAGG TATGTTTATT GCAGGTGGAT TATCAGGAAT ATTATATAAA 120  
 ATAAATGGAT TCACTCTAAT TATAGCGATG ACTATAATGA TGTTTCTAAT CAGCATTTT 180  
 ATGTTATTTA GATTGCATGT AGATAAACCA ACTCATTGAG AGGAAGAATC AACAAATAGC 240  
 50 TTATTGCAAG AATATTTATT AGGATGGAAA TTTTAAAAAG ACAACATGAT GATATTTATT 300  
 TTTGGAGTTA TTTCAATCAT ACCAATGGTG TTTACAATGA TCTTTAACAT ATCATTACCA 360

CGATTGTCTT ATACGTGTCA GTGTTAATTC AGATATTTCC TGTGGAATAT ACCACTTATT 660  
 AATCATAATT GGATAAGGTG tTTGTGCGTA CAGTGTTCATA ATAATCAGCC AACAAATGTGT 720  
 5 ATCACCAtCA AACACGTGAC TATGATTTTt GAAGTGGGGC GCTTTGGTAA TAGACATTTT 780  
 TAAATCTGAT TGATATGCAT TGCTATAAAT CGTTTGCTCA ACGAATGTCT TCATGTCGTC 840  
 TTCGTTTTGT GTATTCACCT TAAATGTGTC AATGACATTT AACGGTATAA AGGTAAAGCA 900  
 10 AAATGCATCA GCTTGCTTAG AATGATTGTC CTTTTTTTGA TAATAGCGTT CCATTGCAAT 960  
 GACGGCAGAA GGATGGTTTG CAAACAAATG ATTTGTATAT TCACTTTCTA AATCAACACG 1020  
 ATAATTAATT GATGACATAG ATACGCGAGC TAGCAATATT TGATCAAGTG GATGCTTAAA 1080  
 15 TTGATCCATA CTTGAAGCGT GTTGGGCATT TGTGTGTGGA ATAACAAAGT GTCCCTTCCC 1140  
 TCTTGACTC TCTACGATGC CATCTTCGGC TAACAATTTt ATAGCTTGGC GCAAAGTCAT 1200  
 20 ACGACTGGAC ATCAAAGCGC GCACAAAGTT CCTTTTCAGT AGGTAATGC 1249

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 390:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1788 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 390:

AATGATGATT CATTCAAAGA AATTAACGCT CGGTATATGC TTGGTATTAC TCATTATATT 60  
 GATTGTAGGT TATGTCATTA TGACAAAAC AAATGGTCGA AACGCCCAA TTAAGACAC 120  
 35 ATTTAATCAA ACATTAAAT TATATCCAAC CAAAATCTC GATGATTTTT ACGATAAAGA 180  
 AGGCTTTTGA GATCAAGAAT TTA AAAAGGG TGATAAAGGT ACTTGGATAG TTAATTCTGA 240  
 40 AATGGTAATC GAGCCAAAAG GTAAGGATAT GGAAACGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAA 300  
 TCGCAATACT AGAACCACAA AAGGGTATTA TTTTATAAGT GAAATGACAG ATGACAGTAA 360  
 CGGCAGACCA AAGGATGATG AAAAAAGGTA TCCGGtAAAA ATGGAACATA ATAAAATCAT 420  
 45 ACCAACGAAG CCACTACCGA ATGACAAGTT AAAAAAGAG ATTGAAAAC TTAAGTTCTT 480  
 TGTACAATAT GGCAACTTTA AAGATATTAA TGATTATAAA GATGGTGATA TTTATATAA 540  
 TCCTAATGTA CCAAGTTATT CGGCAAAATA TCAATTGAAT AATGATGATT ATAATGTCCA 600  
 50 ACAGTTaAGa AAAAGATATG ATATTCCAAC CAAACAAGCG CCGAACTAT TATTGAAAGG 660  
 CGATGGAGAT TTA AAAAGGTT CATCCGTAGT TcTAGAAGTC TTGAATTTAC CTTTGTGCGAA 720

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 388:

5 TCATCCAAAT TTTGGAAATT CCACATTTTA CATATCGTAA TTTTTTAGGA AACTAGTGAA 60  
 TATAACAAAT CCTCCTCTC ATTTTAAAA TAGATATATC ACTTCCCCAC TTTTACTTAA 120  
 CTAAGTCA ACGGTTCTA ATACCAAAAT CCTGCCCTCT ATTTTATCA ATTCAAGCAT 180  
 10 ACTTATTGAA AAATGTTAAC GTTTCCTGA TAATCATTGT AAGCGCATTT ATTTTATAAA 240  
 CTAACGTTTG AAATATACTA CAGGAGTGAC ACGTAATGAC TCAAATTACT GAAAAAGAAT 300  
 TAAAAAGAA GTATTAGAT TTAATATCCC AAAATTTTGA TACTCCAGAA AAAGTTGCAA 360  
 15 CTGAAATTAT CAATTTAGAA TCAATTTTAG AATTACCTAA AGGTACGGAA CATTTCGTCA 420  
 GCGATTTACA TGGTGAATAT GAAGCTTTCC AACACGTATT ACGCAACGGT TCTGGGAACG 480  
 TGCGAGCGAA AATCAATGAT ATTTTCAAAG AGAGACTTTC AACTAAGGAG CTTAATGACT 540  
 20 TAACTGCTCT TGTCTACTAT CCAGAAGrCm AATTtAAAAT TgATTAAAAG TGATTTCCAA 600  
 AATTgCGGtC mActTAATGt CyGGtATATC ACaACmATCG aACATTTAAT TGAGTTAATT 660  
 25 AAATATTGT 669

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 389:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1249 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 389:

35 CACATGGCTG TTAGAGATAT GAATGGCCAT GCGTTACCTT TAACAAAAGA TGGCAATTTT 60  
 TATCAAACGA ATGTAGATGC AAATGGTGTT AATCATGGTG GTAGTGAAAT GGTGCAAAT 120  
 40 AAAACAGGTC ATATGAGTCA ACAArGCCAT ATGAATCAGA ACACACATGA ACCAACAGCC 180  
 ACACATGCAA CAAGGTCATA TGCAATCATC AAACCATCAA ATGATGAGTC CAAAAGCAAA 240  
 45 TATGCATTCA TCAAATCATC AAATGAACCA AAGTAACAAA AAAGTTTAC CAGCTGCTGG 300  
 TGAAAGTATG ACATCAAGTA TTCTTACTGC AAGTATTGCC GCACTACTAT TAGTATCTGG 360  
 GTTATTCTTA GCATTTAGAC GACGTTCAAC AAATAAATA ACATAATACG ATTAATAATA 420  
 50 GAAAAATCGT GTGATTATCT GaGGGAGCCT AGGACATAAA TCAATGTCCT AGGCTCnCTA 480  
 AtGTTATATT GGCAGTAGTT GACTGAATGA AATTGCGCTT GTAACAAGCT TTTCCATTTT 540



GGTATGACGT TAAAGGAAaC GCAGTTCAAA AACAAATTTGT GAAAGAGCAT GGTGAAAAaG 600  
 TAGTGGGATT ATTAGCTGAT GATTGGATTG AAGCAATTAA GGAAGGTAAA AATGAACCGA 660  
 5 GCTCATTGT AATATCGCCT TTTTCAGCAG TACAGCAACA GATTAAACGT ATGTTAAAGC 720  
 AACAACTACC GACTAGAATT GATATTGAAC GTACAAAAAT TAATCAATGG GTCGATAAAT 780  
 10 CCATTGGTAC TGTTCACTACT TTTCAAGGTA AAGAGGCTCA GAAGGTGTAT TTTGTAATAG 840  
 GTECTGATAA TACCCAAGAT GGTGCTGTGA ACTGGTCATG CGAAAAACCA AACTTGTTAA 900  
 ACGTTGCAGT GACAAGAGCT AAGAAAGAGT TtATGTAAAT GGCGACATGC AAAGAATACA 960  
 15 GATGAaACCA TTTTATGAGA CGATTTTTTAn AGnAAGAAAT GTAAAA 1006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 387:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 662 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 387:

CGTTTCATCA AGTtATCGAT CCTAATTTAC AAAATATTCC GGTTAGACTT GAAGAAGGGC 60  
 GTAAAATAAG AAAAGCCTTT AAACCAACTT CAAAAGATAG CGTTATATTA TCAGCAGATT 120  
 30 ATTCTCAAAT TGAATTGCGT GTATTAGCAC ACATTACACA AGATGAGAGT ATGAAAGAAG 180  
 CATTATCAAA CGGCGATGAT ATTCATACAG CAACTGCTAT GAAAGTATTT GGTGTAGAAG 240  
 35 CTGATCAAGT CGATAGTTTA ATGCGTCGTC AAGCAAAAGC AGTTAACTTT GGAATTGTTT 300  
 ATGGGATAAG TGATTATGGT TTAAGTCAAA GTTTAGGTAT TACTCGTAAA AAAGCAAAAG 360  
 CATTCAATTGA TGATTATTTA GCTAGTTTCC CAGGTGTAAA ACAATATATG TCTGATATTG 420  
 40 TAAAAGATGC CAAAGCTTTA GGTTACGTGG AAACATTGCT ACATCGTCGA CGCTATATTC 480  
 CTGATATTAC GAGTCGTAAC TTAAATTTAC GCGGCTTTGC TGAACGTACT GCTATGAATA 540  
 CGCCAATACA GGGCAGTGCT GCAGATATCA TTAACTGGC AATGGTTAAA TTTGCTCAAA 600  
 45 AAATGAAAGA GACAACATAT CAAGCTAAAC TATTATTACA AGTACACGAT GAATTAATTT 660  
 TT 662

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 388:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 669 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

CAGTTTTACG TCCTACACCT GCTAAACTTT CTAATTCCTT ATGTGTTTGT GGTATTTCTC 240  
 CATTAAATTG ATCAATCAAA GATTGACAAA GTTCTTAAT ATTCTTAGCT TTGTTACGAT 300  
 5 ACAGACCGAT AGAACGAATA TCATTCATAA GTTCTTCATC ACTGACTGCC AAATAATCTT 360  
 CAGGCGTTTT GTATTTTTTA AACAGCTCAG TTGTTACTCT ATTTACTAGA ACGTCTGTAC 420  
 ATTGCGCTGA CAATAATACA GCAATAGTTA ATTGGAACGG ATTATCATGT TTTAATTCAC 480  
 10 ATTCTGCATC CGGAAACATA TTTGCTATAA CATCAATCAT TTCTAATGCT TTTTCTTAC 540  
 TTACCATCAA GGTTCCTCCC GTTTAACCAA TCAAATTTAG GTACCGTTTT AACTGTGTGC 600  
 GTCATTTTCG GTTTATTGAA TTTTCTCTT ATTTTCTAG AATCGTCAAT TGTTTTGACA 660  
 15 TTGTTTTTCT TCCAATTAAG TAAAATACGA TCTATATATT TAAAGCTAAG TTTATTCAAA 720  
 CTATTCGCCT CGTCTAATGC CGCTTGATA ATTGCAGTAT CGTGTTTATC AACATCAATC 780  
 20 CATTGATTTA ACGTTTCTAT TTCATATGGA GATAACGGCC TTGCAAATGT ATCCTCTAAA 840  
 ACTCTAAATA ATTGTTTAAA TTTTCTTTA CTATTTAGCT CTTTCGTTTC CATACTTTGT 900  
 TGCTTCAATA TATGACTTAA TTTTCGAAA AAAGGATCTA GATTCAATA TTCGGKAAAT 960  
 25 CTACCTTCYT CATCYTTTTG aACTkGtAAT tCTAGCAATT CACGTgTATC AAATTTTGGA 1020  
 TACCATT 1027

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 386:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1006 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 386:

40 AAGGnTTGGA GGGAATTAAT nGATGGCAA TCCAGaTAA AGTACACaC GCATGGAATG 60  
 TGATGCATTT AATATTTCCA GTAGTTAGTA CGACGTTTGC AAGCTTTAAA TCTATGTATG 120  
 GGGGCATACC AAAAGATTTC ATAGACTACT TATTTATTGA TGAAGCAGGA CAAGCAATAC 180  
 45 CTCAAGCAGC TGTGGGAGCA TTATATCGTT CAAAAAAGT TGTAGCTGTA GGTGATCCGA 240  
 TTCAAATAGA ACCGGTTGTG ACTTTAGAAA GTCATTTAAT TGATAACATT CGTAAAAATT 300  
 ATCATGTTCC GGAATATCTA GTTCTAAAG AAGCTTCTGT GCAGTCTGTT GCAGACAACG 360  
 50 CCAATCAATA TGGTTTTTGG AAATCTGATG CTA CTGATAG TAATCAAAAA ACCTGGATAG 420  
 GCATACCTTT ATGGGTGCAC AGACGATGTT TAAACCTAT GTTCACGATa GCTAaCCAAa 480

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 384:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 862 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 384:

TGCACTTGAT ACTTTAGCAC ATGAAATTGC TAATCGATTA GTTGCAAATG ACAAGAATGA	60
AGCAACTTTG GAAATGACTA ATAAAATGGC AACGATTCGT TTTACAGAAC CTACGCTGAT	120
TGCATTAGCA GGGGGTAATG TCAAAGCTTA CACTGAGCAT ATGACTATAT CTCCATATAA	180
ATTGTATTTG TTAGATAAAG GCGATGTTTT AAAGTTTAGA GAAACAAGTT ATACATCGCG	240
AGTGTATTTA GCTGTGGGAG GCGGATTTGA ATTAGATGCA TGGTTAGGAT CTAACCTCAAC	300
CGACTTTAAT GTAAAAATTG GTGGTTTTAA AGGTAGAACA TTACAAGATG GCGATGAAAT	360
AAAGCTTAAG AGAGATTATA CAGCTCGTCA TCATAAGTTA TTTGAAAACC TTGCTCACAC	420
GAAACAAACA GATTGGGGTA TTGATGGATA CGCCTTGTC TTTAATTATA TGTCTGATGT	480
ATTTTCATGTC GTTAAAAATA AAGGTACGGA AGATTTTAAA GAAGATGCCA TTCAAAGATT	540
TGTGAAACAT GATTATAAAG TAACGAGCAA AGCAAATCGC ATGGGGATGA TGCTTGAAGG	600
TGAAAAAATC AAAGCTTTTT ATGAAGATAT GCCACCGTAT CAGACTGTCA AAAAAGGAAC	660
GATACAAATT AAGCGTGATG GCACACCTAT TATCCTATTA AATGATCATT ATACGCTAGG	720
TAGCTACCCG CAAATCGGTA CAATCGCAAG TTATCATTTA ACGAAATTAG CACAAAAACC	780
GCAAGGATCA CGTTTGAAAT TTCAATTTAT AGATATTTTA ACGGCTGAAA AGAACCTTGT	840
TAAGTATAGT AACTGGTTAA AC	862

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 385:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1027 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 385:

AAATGAGTTG ATGATGGCTC CTATTCCATC TATCTCTAGG TATGACAGAA SATAACGGT	60
CTTCTACCTG TCTsACATTA TCTTTCCAAC GATTAATACC TAAGCGTTTA GAAACACGTT	120

ATT

1143

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 382:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 506 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 382:

GGACCACCTT TTTTACCTGT ACGACTAAAG CCAACTGTTT TAAAGGCACC AACAGCATGC 60  
CACACTTGAA TAATTTCTTG TGATGGTCTA AAGCGAACCG TATAAATTAA TGGATGGAAA 120  
TCATCAACAA AAATATAATC GGCCTTACCA AGTAAATATG GCAATCTAAA CTTGTCTCTC 180  
CATTTGCGTC TATCCGTAAT ATTCTCCTTA AATACCGTTT TAATATCATA ATCAAAATCT 240  
ACTTTTTGGC GTAGTAACTC ATCATATACA TACTTGAAAT TCCCTGATAA ATTCGGACGC 300  
GAATCTGATG TGAATAATAT TGTTTTGCTT CTTTAAATAT GTAGTAACTT TGTAATATTA 360  
AAAATAGCTT TAAATAAGAA ACTTCTACTT TCAAATGAAG CTTTATGaCC TTGTTTaTGA 420  
AGCCAGTGTG cACTTgTCGC AATGaCCCCCT GaTTTCyCyT GagGtAAGGk GaTTTCmATA 480  
TCAAATACAA ATTCGTTAAC GTCACT 506

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 383:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 421 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 383:

AGCATCTGCA AtGAGTcTCT AATACAACGA TACGTTTTGC ATCTTTAGGT ACTTTTACTG 60  
TACCATTTTC ATCTTTTACC GAAATAGTAT CTTTAGTTGA TGATTCTTTT TTAATTGAAT 120  
TATCCGTATT ACCACAAGCT GCAACTAAAA GTAAGGCAAC TATTAATCCC AATATACTAA 180  
AAGTTTTTTAG ACCTCTCATC GTTCCACTCC TTAATATGTA TAACTTCATT TATTATTTTA 240  
TTGATAACAA TTATCATTGT CAAGTAGCGT TCAATCTTTT TTATATTTCT AAAATGTATG 300  
ACTATATATT TCCTCTAATA ATTATGACTA CAATTAGCAC ATTCCTTAG ACAAATACT 360  
GATAATGTAT CATTGCTATA TCATCTTTGC ATTAATACAA TTGACACCAT TTAGCATGAC 420

	TTAATAATCa AGTATCTGAA CTATCAGTGT TAATTGCTTC TAAAGTTCTT AGAAAAGAAA	2040
	TTTCTGAACA AGACCAAAAA GCATTGGTTG ACAAGTATCT AAAAGAGGCA GCGGATAAAT	2100
5	AATGGTAAAA GTAGCTAACA AGTATgCTAA AGCATTATTT GACGTGTCAT TAGATACAAA	2160
	TAATTTAGAG ACTATTAATG AAGAATTAAC AGTTATAAAT GAAGCAGTAA AAGATAAAAT	2220
	TG	2222

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 381:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1143 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 381:

20	TAACAATTCC TaTATTCATG TTTAATACGA AACACTACAT TTACATTGTA ATTCACTATC	60
	TTTTGAAGTA ATAAAGTGAT TTGTTCAATC GATAGCTCAT TGCTTGTCGTC GATTGTAACA	120
25	ATTATATGCA AGTTTTTCAGG ATTAACACCT AATCTTTGAA TGATTTGTTT AATAGTATAA	180
	TAATCCATCC AATAAAAATT ACTTCCTTTA ATATAAATGT TTTTAGGTTG ATACATTTGA	240
	CTCCTTTTTG TAGGCTCAAA AGGTATATCA ATCTCGCGCA TACTTGAAGA ACTTTGATTA	300
30	GTATCATCAA ATAATTCAAT TATATTTTTA TCAATTTCAA CTAATTGGGA ATGGTTAATT	360
	GAATGAGATG TTGGACTATA TCTTTTTCTA ATTAATTTAG GAGTGTTACC ATACGTTTCT	420
35	TTAAAGAGGT GTATAAACG AGAATAATGA TTAAACCAT GACTACTTGC GATTTCTTCA	480
	ATAGGCTTCT TAGrAGTTAA AATATCAATT AAGCAATGCT CCAGTCTAAT ATGATTTAAA	540
	TATTGAATAA AATTACTATA AGGTGTCGCT TTAAACATGT CACTTAAAGC TTTGTTTGTA	600
40	ATACTAACTT GATTAATGAC ATCTTTCCTA TTTATCTTTT TATGGTGGTT GTTTGTTAAA	660
	TAATCGTGCA CTTCTTCGGC TACTAAATGA CGACTACCAT CGTATGTATT TAATGACATT	720
	AATTCAACAC ACATGTAATT AATAATCTTA TCATTAGCAT TATAAGACTG TTGTTTAATT	780
45	TTGCTGTAGA TTAAATACTT AATCAAGATT CTAAAAGTGC TAGCAACCTC ATTTGTTAAT	840
	ATCTTGCCAC GCATCATATA GTTTGCATTC ATAAACTTCA AAAATGTCTT TGCACTTACT	900
	TCAACAACAC AACATACACT ATCATCATT CCATCAATTT GATACAAATC ATTCAACATA	960
50	ATAATGGTGA CATCATTTCT TTTTACATCA TATTGTTGTA GATTGATTGA AACTACACCT	1020
	GTACCTTGTA GCCAATATAT AATTTTtAAG TTCGCTTCCT TCACACTACT CATTTTCATA	1080

	ATGCTATTTA GCTAAAGCTA AAAGACCAGA CACTATGCAT ATTTCAACTG GAAATATGTG	240
	GCGATACTTA GTTGCAATTA TTGCCTGTAT GATTTGGTAC CTTAATAAAG CGCATGTAAG	300
5	TATCATCGGT ATAATTATTG GTTTAATGAT TTCATATGTT GTAGTTATCA TACGTCCTTT	360
	ACTAAAGGTG AGCAAATAAA TTAAGAAAGA GGTGAGATTA TGGATCACAA ATCCCCGCTC	420
	GTGAGTTGGA ATTTATTCGG TTTTGaTATC GTTTTCAATT TATCAAGTAT ATTGATGATA	480
10	CTTGTTACGG cGTTTCTTGT TTTTCTACTT GcTATCATTT GTACGCGTAA TTTGAAAAAA	540
	AGACCAACTG GCAAACAAAA TTTCGTTGAA TGGATTTTTG ATTTCTGTGAG GGGAAATCATT	600
	GAAGGTAACA TGGCTTGGA AAAAGGTGGT CAATTCCACT TCTTAGCAGT AACGCTGaTT	660
15	CTGTACATTT TTATAGCTAA TATGTTAGGT CTTCCGTTTT CTATAGTAAC GAAAGATCAC	720
	ACATTGTGGT GGAAATCACC GACAGCnGAT GCAACAGTGA CTTTAACGTT GTCTACAACG	780
20	ATAATACTGT TAACTCACTT TTATGGAATT AAAATGCGTG GTACGAAACA ATATCTTAAA	840
	GGTTATGTAC AGCCGTTTTG GCCATTGGCA ATTATTAATG TTTTTGAAGA GTTCACTTCA	900
	ACATTAAACGC TTGGTCTGCG TTGTACGGT AACATATTTG CAGGTGAGAT ACTATTAACA	960
25	TTACTTGCTG GCTTATTCTT TAACGAACCA GCATGGGGTT GGATTATTAG TATCCCAGGA	1020
	TTAATTGTTT GGCAAGCATT TTCAATATTT GTAGGAACAA TCCAAGCATA TATCTTTATT	1080
	ATGCTTTTCA TGGTTTATAT GTCACATAAA GTGGCAGATG AACACTAAAA ATTTCAATAA	1140
30	TTATATACAA TCACAGGAGG AAATTAAATT ATGAATTTAA TCGCAGCAGC AATCGCAATT	1200
	GGTTTATCAG CATTAGGAGC AGGTATCGGT AACGGTTTAA TCGTTTCAAG AACAGTTGAA	1260
35	GGTGTAGCAC GTCAACCAGA AGCACGTGGT CAATTAATGG GTATCATGTT CATTGGTGTA	1320
	GGTTTAGTTG AGGCATTACC TATCATCGGT GTAGTAATTG CATTGATGAC ATTTGCTGGA	1380
	TAATTAACAG ATAAAAGAGG TCGGGACAAA GCGCATAGGA CATAATTCAT GATGCATATA	1440
40	TAGTAATATC TTTGAACTTT ATTAAATAGT TGAGATATGA ACGCACCATG CCTATCGCAT	1500
	AAATTCAGTA GGTCTTAACC TCGTCGTTTT TTTCTATATA AACTAGCGA TTATTTTAAT	1560
	GAAAGGAGTG TCATGAACCC GTGACTGAAA CAGCTAACTT ATTCGTTCTT GGTGCAGCTG	1620
45	GAGGCGTTGA GTGGGGTACT GTGATTGTAC AGGTCCTAAC TTTCATCGTG TTAcTTGCGT	1680
	TACTTAAAAA GTTCGCATGG GGTCCATTGA AAGATGTAAT GGATAAACGT GAAAGAGATA	1740
	TTAACAGAGA TATCGATGAC GCAGAACAAG CTAAGTTAAA TGCACAGAAA CTTGAAGAAG	1800
50	AAAATAAACA AAAACTTAAA GAAACACAAG AAGAAGTTCA AAAGATTTTA GAAGATGCTA	1860
	AGGTTCAAGC ACGTCAACAG CAAGAACAAA TTATTCaTGA AGCAAACGTA CGTGCAAACG	1920

AGAAATTCAT AAACCTTGTC AAAATAAAAT TATAGAAAAT GCATTAAAAA ATAAC TAGGG 3660  
 GGAAATAAGT CATGCCAGAG GTTAAAGTTC CAGAATTAGC AGAATCTATT ACAGAAGGTA 3720  
 5 CCATTGCAGA ATGGTTGAAA AACGTAGGGG ATAGCGTAGA AAAAGGTGAA GCTATTCTTG 3780  
 AATTAGAAAC TGATAAAGTT AATGTCTGAAG TTGTATCTGA AGAAGCAGGT GTATTATCTG 3840  
 AACAACTTGC AAGTGAAGGC GACACTGTAG AAGTTGGACA TGC AATTGCT ATCATCGGCG 3900  
 10 AAGGTAGTGG CAATGCTTCT AAAGAAAATA GTAACGACAA TACTCCACAA CAAAATGAAG 3960  
 AAACAAATAA TAAAAAAGAA GAAACAACAA ATAATTCGGT AGATAAAGCT GAAGTAAATC 4020  
 15 AAGCAAATGA TGACAATCAG CAACGTATTA ATGCTACGCC TTCTGCGCGT CGATATGCTC 4080  
 GTGAAAATGG TGTGAATCTT GCTGAAGTAA GTCCGAAAAC AAATGATGTG GTTCGTAAAG 4140  
 AAGATATTGA TAAGAAACAA CAGGCACCGG CATCAACACA AACAAACAAA CAAGCATCTG 4200  
 20 CAAAAGAAGA GAAAAAATAC AATCAATATC CTACAAAACC AGTGATTCTG GAAAAAATGT 4260  
 CACGTAGAAA GAAACAGCT GCCAAAAAAT TATTAGAGGT ATCTAATAAT ACAGCTATGT 4320  
 TAACAACATT TAACGAATG AcATGACAAA TGTTATGGAA TTGCGTAAAC GTAAGAAAGA 4380  
 25 ACAATTTATG AAAGATCATG ATGGTACTAA ATTAGGATTT ATGTCATTCT TTAATAAGC 4440  
 TTCTGTAGCA GCTTTGAAAA AGTATCCAGA AGTTAATGCA GAAATCGACG GCGACGACAT 4500  
 GATTACGAAA CAATATTATG ATATTGGTGT AGCTGTTTCT ACAGATGATG GATTATTAGT 4560  
 30 ACCATTTGTA AGAGATTGTG ATAAAAAGAA TTTTGCAGAA ATCGAAGCAG AAATTGCTAA 4620  
 TTTAGCAGTT AAAGCaCGAG AGAAAAAACT TGGCTTAGAT GATATGGTTA ATGGTTCATT 4680  
 35 TACGATTACA AATGGCGGTA TTTTGGATC AATGATGAGT ACGCCAATTA TCAATGGTAA 4740  
 TCAAGCTGCA ATCTTAGGCA TGCATTCAAT TATTACAAGA CCAATTGCGA TTGATCAAGA 4800  
 TACAATCGAA AATCGTCCAA TGATGTATAT TGCATTAAGC TATGATCATA GAATTATT 4858

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 380:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2222 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 380:

ATCAGTCACA CGGTAGGCAT ATAAAATGAG TCGTTTCTAC AACATTTTAA AACAGTTCAT 60  
 TCAATATTAT TTTTATCTAA TAATnATATT GGGAGGATTA TACCTTTATA CACACCATGC 120

AAGTCACTTG GAAATTGTTG CACCTGTTGT TGAGGGGCGT ACGAGAGCAG CACAAGATGA 1860  
 TACACAACGA GCTGGGGCTC CGACGACTGA TCATCATAAA GCAATGCCAA TTATTATACA 1920  
 5 TGGCGATGCT GCTTATCCTG GTCAAGGAAT TAACTTCGAA ACAATGAACT TAGGAAACTT 1980  
 GAAAGGCTAT TCTACGGGTG GTTCATTGCA TATTATTACT AACAAATAGAA TTGGATTTAC 2040  
 TACAGAACCA ATTGATGCAC GTTCAACAAC TTATTCTACA GATGTGGCCA AAGGTTATGA 2100  
 10 TGTGCCAATA TTCCATGTCA ATGCAGATGA CGTTGAAGCT ACTATTGAAG CAATTGATAT 2160  
 TGCAATGGAA TTTAGAAAAG AGTTTCATAA AGACGTCGTT ATTGATTTAG TAGGTTATCG 2220  
 TCGTTTCGGA CATAACGAAA TGGATGAACC ATCAATTACT AATCCaGTTT CTTATCAGAA 2280  
 15 TATTTCGCAA CATGACTCTG TTGAATATGT GTTTGGTAAA AAGCTTGTTA ATGAAGGTGT 2340  
 CATTTCAGAA GATGAAATGC ATTCATTTAT AGAACAAGTC CAAAAGGAAC TAAGACAAGC 2400  
 20 TCATGATAAA ATTAATAAAG CTGATAAAAT GGATAATCCA GATATGGAAA AGCCTGCAGA 2460  
 TCTTGCAATTA CCGTTACAAG CAGACGAACA ATCATTTACT TTTGATCACT TGAAAGAAAT 2520  
 AAATGATGCA TTGTTAACAT ATCCGGATGG CTTTAACATT TTGAAAAAGT TAAACAAAGT 2580  
 25 TCTTGAGAAG CGTCATGAGC CGTTTAATAA AGAAGATGGT TTAGTTGATT GGGCACAAGC 2640  
 AGAACAACTT GCATTTGCGA CAATTTTACA AGATGGTACA CCGATTGCTT TAACTGGTCA 2700  
 AGATAGTGAA CGTGGTACAT TCAGTCATAG GCATGCCGTG TTACATGATG AGCAAACAGG 2760  
 30 TGAAACATAT ACACCTTTAC ATCATGTTCC TGATCAAAAA GCGACATTTG ATATACACAA 2820  
 TTCTCCGCTT TCAGAAGCAG CAGTAGTTGG TTTTGAATAC GGCTATAATG TGGAAAACAA 2880  
 AAAAAGCTTC AATATTTGGG AAGCACAATA TGGTGATTTT GCAAATATGT CACAAATGAT 2940  
 35 TTTTGACAAC TTCTTATTCA GTTCTCGCTC AAAATGGGGA GAACGTTTCA GATTAACTT 3000  
 ATTCTTACCT CATGCATATG AGGGTCAAGG GCCTGAACAT TCATCAGCAA GATTAGAGCG 3060  
 40 ATTTTACAA TTAGCTGCTG AAAATAATTG CACAGTTGTC AACTTATCTA GTTCAAGTAA 3120  
 TTATTTCCAC TTATGCGTG CACAAGCGGC TAGTTTAGAT TCTGAACAAA TGCGACCATT 3180  
 GGTGTTATG TCACCAAAAA GCTTACTGAG AAATAAAACA GTTGCAAAAC CAATTGATGA 3240  
 45 ATTTACTTCT GGTGGATTTG AGCCAATTTT GACAGAATCA TATCAAGCGG ATAAGGTTAC 3300  
 AAAAGTTATT TTGGCAACTG GTAAATGTT CATTGATTTA AAAGAAGCAT TAGCTAAAAA 3360  
 50 TCCAGACGAA TCAGTATTAC TCGTTGCGAT TGAAAGATTG TATCCATTCC CAGAGGAAGA 3420  
 GATTGAAGCA TTAGTAGCAC AATTGCCAAA CCTTGAAGAA GTGTCATGGG TACAAGAAGA 3480  
 ACCTAAAAAT CAAGGTGCAT GGTTATATGT CTATCCATAT GTTAAAGTGC TAGTTGCAGA 3540



	TGGGGAAAAA AAGACCCAGC AGTATTAGAA GAATCGTTAA ATATTTCTAT TGAAGAAATG	60
	AATCGTATCA TAAAATTAGT CGAAGAATTA CTTGAATTGA CTAAAGGAGA TGTAATGAC	120
5	ATTTCTTCTG AAGCACAGAC CGTGCATATT AATGATGAAA TTCGCTCGCG AATACACTCA	180
	TTAAAACAAT TGCATCCTGA TTATCAATTT GATACGGATC TGACATCTAA AAATCTAGAA	240
10	ATTAAAATGA AACCTCATCA ATTCGAACAA TTATTTTTTAA TCTTTATTGA TAATGCAATC	300
	AAATATGATG TGAAGAATAA GAAAATTAAA GTTAAGACAA GGTAAAAAAA TAAGCAAAAA	360
	ATAATTGAAA TTACAGATCA TGGGAATTGGT ATTCCAGAGG AAGATCAAGA TTTCATTTTTT	420
15	GATCGCTTTT ATCgAGTGGA TAAATCTCGT TCAAGAAGTC AAGGCGGTAA TGGACTCGGA	480
	TTATCTATTG CTCAAAAAAT CATTCAATTA AACGGAGGAT CGATTAAAAT TAAAAGTGAA	540
	ATTAACAAAG GAACAACGTT TAAAATCATA TTTTAATCAT GACTGAGACG TCAATCAAAG	600
20	TCATAGGATC AATTTTTTAA GTACACATTA GCTGTGACTA ATGTATAAGA ACAACTATAA	660
	AACAAATAAA CAGTGGTTCT TTATCATTTT TGTGTACTC CCAAATTTA CAATAAAATA	720
	CATCTATAAA CCTAGAAGAA TCAACGCTTT TGTGTATTCT TCTTTTTAGC AGATAAATAG	780
25	GTAAATCTAC TTTAACAAAT AACTAAATAG TGATATTATT ACATTGTAAG CGTTTCAACA	840
	TTTTTGTGGA GGGTGTAATA TGAATAACGA AAGAAAAGAA GTTTCAGAGG CTCCTGTAAA	900
30	CTTCGGTGCG AATTTAGGTC TAATGTTAGA TCTATATGAT GACTTTTTTAC AAGATCCATC	960
	ATCTGTACCA GAAGATTAC AAGTCTTATT CAGCACAATT AAGAATGATG ACTCAATTGT	1020
	ACCAGCTTTA AAAAGTACAA GTAGTCAAAA TAGCGACGGC ACAATTAAGC GTGTCATGCG	1080
35	TTTAATTGAT AATATTCGCC AATACGGGCA TCTTAAAGCC GATATTTATC CTGTAAATCC	1140
	TCCAAAAAGG AAACATGTAC CTAAATTAGA GATTGAAGAC TTTGATTAG ATCAACAGAC	1200
	TTTGGAAGGT ATATCAGCAG GAATTGTTTC AGATCACTTT GCCGACATTT ATGATAATGC	1260
40	TTATGAAGCA ATTTTAAGAA TGGAAAAACG TTACAAAGGA CCAATTGCAT TTGAGTATAC	1320
	ACATATTAAT AACAATACCG AACGTGGTTG GTTAAAAAGA AGAATTGAAA CGCCATATAA	1380
	AGTAACGTTA AATAATAACG AAAAAAGGGC ACTATTCAAA CAATTAGCGT ATGTTGAAGG	1440
45	GTTTGAAAAA TATCTTCATA AAAACTTCGT TGGTGCAAAG CGTTTTTCAA TTGAAGGGGT	1500
	AGACGCACTT GTACCGATGT TACAACGTAC TATTACGATT GCTGCGAAAG AAGGTATTAA	1560
50	AAATATACAA ATAGGCATGG CTCACCGTGG ACGTTTAAAC GTTTTAACGC ATGTCTTAGA	1620
	AAAACCGTAC GAAATGATGA TTTCAGAATT TATGCATACA GATCCAATGA AATTCTTACC	1680
55	TGAAGATGGT AGCTTGCAGT TAACTGCTGG ATGGACTGGT GATGTGAAAT ATCACCTTGG	1740

CATTGATTTA TATGATGTGA TTaTTkCACA AGGTGCCTCT ACTGATTCAA ATTACGTTCA 660  
 ACAATATCAA TTACCAGGTC ATTTTGCGCC AATTGCTTCT TATCAATTAT TAGAAAAAGC 720  
 5 AGTTGAAACA GCACGTGACA AAGGTGTACG TCATCATGTA GGTAATGTGT TATCAAGTGA 780  
 TATTTTCTAT AACGCGGATA CAACAGCGAG TGAACGTTGG ATGCGTATGG GTATTTTAGG 840  
 TGTAGAAATG GAATCaGCTG CaTTATACAT GaATGCAaTT TACGCTGGTG TCGAAGCATT 900  
 10 AGGTGTGTTC ACAGTGAGCG ATCATTTAAT TCATGAAACG TCAACAACaC CTGAGGAAAG 960  
 GGAACGTGCA TTTaCAGATA TGATTGAAAT TGCACGTGCA TTGGTGTAGA TGATTATGAA 1020  
 TGTTGAATAT TCTAAAATAA AGAAAGCAGT ACCTATTTTA TTATTCTTAT TTGTATTCAG 1080  
 15 TTTGGTTATA GACAACTCAT TTAAATTGAT TTCTGTAGCC ATTGCTGATG ACTTAAACAT 1140  
 ATCTGTAACG ACAGTAAGTT GGCAAGCGAC ATTAGCCGGT TTAGTAATTG GTATTGGCGC 1200  
 TGTAGTATAC GCTTCATTAT CTGATGCCAT TAGTATACGC AACTATTTTA TTTATGGCGT 1260  
 20 GATATTAATC ATTATCGGAT CAATTATTGG TTACATTTTC CAACATCAAT TCCCATTACT 1320  
 TTTAGTTGGA CGTATTATTC AAAGTCCGGG TTTAGCTGCT GCAGAGACAT TATATGTGAT 1380  
 ATATGTTGCA AAGTATCTTT CTAAAGAGGA CCAGAAGACT TACCTTGGCT TAAGTACGAG 1440  
 25 CAGTTATTCC TTGTCATTAG TTATCGGTAC ATTATCAGGT GGATTTATTT CTACGTATTT 1500  
 AACTGGACA AATATGTTTT TAATTGCATT AATCGTAGTA TTTACGTTGC CATTCTTATT 1560  
 TAAATTATTA CCAAAAGAAA ATAATACGAA TAAAGCTCAT TTAGATTTTG TTGGCTTAAT 1620  
 TCTAGTGGCA ACTATTGCTA CAACAGTCAT GCTGTTTATT ACGAACTTTA ATTGGTTATA 1680  
 TATGATTGGT GCCTTAATTG CGATTATCGT TTTTGCGCTA TATATTAAAA ATGCGCAACG 1740  
 35 TCCATTAGTA AATAAATCAT TTTTCCAAAA TAAACGTTAT GCTTCATTTT TATTTATAGT 1800  
 ATTTGTAATG TATGCTATCC AATTGGGTTA TATTTTACG TTCCCATTTCA TAATGGAGCA 1860  
 AATTTATCAT CTGcAACTAG ACACAACATC ACTGTTATTA GTACCGGGgT TaTATAGTAG 1920  
 40 CAGTCATTGT TGGtGgCACT AAGTGGgTtA AAATCGGgCG rAATATCTGG AATTCCAAAA 1980  
 CCAAGCGGAT TATCACAGCC AATTAA 2006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 379:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4858 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 377:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 431 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 377:

ATGATTTTtA aAAATCATTa AGTTAAGGTt GATACACATC TTGTCATATG ATCAAATGGT 60  
 TTCGCCAAAA ATCAATAATC AGACAACAAA ATGTGCGAAC TCGATATTTT ACACGACTCT 120  
 CTTTACCAAT TCTGCCCCGA ATTACACTTA AAACGACTCA ACAGCTTAAC GTTGGCTTGC 180  
 CACGCTTAC TTGACTGTAA AACTCTCACT CTTACCGAAC TTGGCCGTAA CCTGCCAACC 240  
 AAAGCGAGAA CAAAACATAA CATCAAACGA ATCGACCGAT TGTTAGGTAA TCGTCACCTC 300  
 CACAAAGAGC GACTCGCTGT ATACCGTTGG CATGCTAGCT TTATCTGTTT GGGCAATACG 360  
 aTGCCCATTTG TACTTGTTGA CTGGTCTGat ATCcGTGAGC AAAAAACGGCT TATGGTnTTG 420  
 CGAGCTTCAG T 431

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 378:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2006 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 378:

TTTnTATAAC GTATTATAAA TCGTTAAAAA TTTTGTTTGT GTTTGCGTCA CGTAGACAAC 60  
 CTCCATAAAG TTAATAATC ACTCTCATCA TACAATAATT TTTACTCAA TTGGAAnAAT 120  
 TATAAAAAATT AAATATAGAT AGGCTTTGAA AATTAGTTTT ATACAAGGTT AGTAGCTGTA 180  
 ACTGTAAAAAT GTTCTTAATA TTGTCAAAAT GTAATGCTTG AAAGCGCTTT TAAaAATAT 240  
 TATTATATAC ATGGTTAGAC AAATAGACAA ATCACTATAC AAATATTGGG AGGAATATTT 300  
 TATGAAATCA ACACCACACA TTAAACCAAT GAATGACGTC GAAATTGCAG AAACGGTTCT 360  
 ATTGCCAGGA GATCCGTTAA GAGCTAAGTT CATTCAGAA ACTTATTGG ATGATGTGGA 420  
 ACAGTTCAAT ACAGTGCGAA ACATGTTTGG TTTTACCGGA ACATATAAAG GTAAAAAAGT 480  
 TTCTGTCATG GGTTCAAGTA TGkGTATGCC ATCTATTGGC ATTTACTCTT ATGAATTAAT 540

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 376:

5	TAAACCATTT CAAACTGAGG AACGCnAAGA CGGsACgTTT CCAGATTTAG AAGTATTTAA	60
	AAATGAATGT GATTTAAGCT ATGACATAAC GTCACTTTAT ACTTTTAAGC AACCTGTATC	120
	ACCACACCTT GCATTTAAAA TGACAGATCA AATTTTCTA AATAAGCAGC GTGTATTAGA	180
10	TAAGGTAAAA GTTTTAGATA AGGAATTTGA TTTTATCTTA ATTGAGGGTG CTGGGGGAAT	240
	TGCCGTACCA ATATATGAAG GTACAGATGA TTTCTACATG ACTAAAGATC TAATCAATGA	300
	TTGTGCAGAT TGTGTCATCA GTGTGTTGCC ATCAAAATTA GGTGCTATTA GCGATGCCAT	360
15	TGTTCAACCA GATTATGTTA ATCAGAATGT ATCGGCGAGT AATTTTTTAA TAATGAATCG	420
	CTATACAGAC AGCTATATTG AAAAAGACAA TCAAATGACG ATTGGAAAAT TAACAAATAA	480
20	AACAGTCTAT ACATTTGAAG AACATGCCAC GTATGAAAAT TTCTCAGAAG CATTTTTTAA	540
	ACAATTAATA GGAGTTAAAA ATGAATTACA CACAACAAC TAAACAAAAA GACTCAGAAT	600
	ATGTTTGGCA TCCATTTACA CAAATGGGTG TATATAGCAA AGAAGAAGCA ATCATCATTG	660
25	AAAAAGGAAA GGGTAGTTAC CTTTACGATA CGAATGGCaA TAAATATTTA GATGGTTATG	720
	CATCGTTGTG GGTCAATGTG CATGGTCATA ATAACAAATA CTThAATAAG GTAATTAAAA	780
	AGCAACTCAA TAAAATTGCC CATTCTACGC TGCTAGGATC ATCAAATATT CCGTCAATAG	840
30	AACTTGCGGA AAAATTAATC GAAATCACGC CAAGTAATCT AAGAAAAGTA TTTTATTCTG	900
	ATACAGGCAG TGCGTCTGTT GAAATCGCAA TAAAGATGGC ATATCAGTAT TGGAAAAATA	960
	TTGATAGAGA AAAATATGCC AAGAAAAACA AGTTTATAAC GCTAAATCAC GGTATCATG	1020
35	GGGATACGAT TGGTGCGGTA AGTGTTGGTG GTATCAAGAC CTTTCATAAA ATATTTAAAG	1080
	ACTTAATATT TGAGAATATT CAAGTAGAAA GCCCATCTTT CTATCGCAGT AATTACGATA	1140
40	CTGAAAATGA AATGATGACA GCTATTTTAA CGAATATAGA GCAAATTCTA ATTGAAAGAA	1200
	ATGATGAAAT CGCAGGGTTT ATATTGGAAC CGTTGATTCA AGGTGCGACA GGCTTGTTTG	1260
	TTCATCCTAA AGGCTTTTTG AAAGAAGTCG AGAAATTGTG CAAAAAATAC GATGTCTTAT	1320
45	TAATTTGTGA TGAGGTAGCA GTTGTTTTG GGAGAACTGG AAAGATGTTT GCATGCAATC	1380
	ATGAAGATGT TCAACCGGAT ATTATGTGTT TAGGTAAGGC GATTACTGGT GGCTACTTAC	1440
	CACTTGACGC TACATTGACA TCTAAAAAAA TATACAATGC ATTTTAAAGT GATTTCGCATG	1500
50	GTGTGAATAC CTTTTTCCAT GGTCaTACAT ACaCCGGAAA TCAAATcGTT TGTaCGGTTG	1560
	cATTaGaAAA TATaAGaCTT TATGaAAAAC GTaAGTtnAT TGTgCACATa TTGaAACGaC	1620

55

	ATGATGGCTT CACACTGTTA GATGCGACAT CATTACAAGA AGTAACACTT AATGTTAGAA	2340
	CGCATACATT GATTACGCAA GTTTATAGTG CAATGGTTGC TGCTAATTG AAAATCACTT	2400
5	TAATGGAACG ATATCCTGAT GATTACCCTG TTCAAATTGT CACTGGTGCA CGAAGCGATG	2460
	GTGCGGATAA CGTTGTGACA TGCCCATTAT ATGAATTGGA TCATGATGAA AATGCATTCA	2520
10	ATAATTTGAC GAGTGTATTC GTACCAAAAA TCATAACATC GACATATTTG TATCATGACT	2580
	TTGATTTTGC AACGGAAGTG ATTGATACTT TAGTTGATGA AGATAAAGGT TGTCCATGGG	2640
	ATAAAGTGCA AACGCaTGmA AcgCTAAAGC GTTATTTACT TGAAGAAACA TTTGAATTGT	2700
15	TCGAAGCTAT TGACAATGAA GATGATTGGC ATATGATTGA AGAACTAGGA GATATTTTAT	2760
	TACAAGTGTT ATTGCATACT AGTATTGGTA AAAAAGAAGG GTATATCGAC ATTAAAGAAG	2820
	TGATTACAAG TCTTAATGCT AAAATGATTC GTAGACACCC ACACATATTT GGTGATGCCA	2880
20	ATGCTGAAAC TATCGATGAC TTAAGAGAAA TTTGGTCTAA GGCGAAAGAT GCTGAAGGTA	2940
	AACAGCCAAG AGTTAAATTT GAAAAAGTAT TTGCAGAGCA TTTTTTAAAT TTATATGAGA	3000
	AGACGAAGGA TAAGTCATTT GATGAGGCCG CGTTAAAGCA GTGGCTAGAA AAAGGGGAGA	3060
25	GTAATACATG AGATTAGATA AATATTTAAA AGTATCACGG TTAATAAAGC GACGTACGCT	3120
	AGCAAAAGAA GTAAGTGATC AAGGTAGAAT TACAATAAAT GGTAATGTTG CTAAAGCTGG	3180
	ATCGGATGTT AAAGTTGAAG ATGTGCTGAC GATTCGCTTT GGTCAAAAAT TAGTAACAGT	3240
30	TAAAGTAACT GCATTAAATG AACATGCATC TAAAGATAAC GCGAAGGGTA TGTATGAAAT	3300
	CATTGAAGAG CGTCGACTTG AAGAAGCGTA AATTGGAGGT GACAAGCAAT GAAAAATAAA	3360
	GTAGAACATA TAGAAAATCA GTACACGTCG CAAGAGAACA AGAAAAACA ACGTCAAAAA	3420
35	ATGAAAATGC GTGTTGTTTCg TAGGCGTATT ACAGTATTTG cGGGCGTATT aCTTGCGATA	3480
	ATTGTTGTTT TATCaATCTT GCTTGTTGTC CAAAAACATC GCAATGATAT TGATGCACAG	3540
40	GAGCGAAAAG CGAAAGAAGC ACAGTTTCAA AAGCAACAAA ATGAAGAAAT TCGTTAAAA	3600
	GAAAAGTTGA ATAATCTGAA TGACAAAGAT TACATTGAAA AAATTGCGCG TGATGATTAT	3660
	TACTTAAGCA ACAAAGGTGA AGTGATTTTT AGGTTGCCAG AAGACAAAGA TTCGTCTAGC	3720
45	TCAAAATCTT CGAAAAAATA AATCCAAATT GATTCAAAAT TATCCGAGTA TAGACATTGT	3780
	GAAAAAA	3787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 376:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1644 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

55

	CAACAAGTGT ATCCAATTGT AGCATTAGGA ATGATATTAT CGATGAATGC CATTCCCTAGT	540
	GCAATTACAC AAAATATAGG GAAGTATCAT AGTGACGAAG CATATGCAAA AGCAGTCGCT	600
5	TATATACAAT TAGTTGGTAT ATTATTATTT ATTGCTATTT TTGTGTTTGC GAACAATATT	660
	GCACATATGA TGGGTGATGG CCATTTAACA CCAATGATTC AAGCTGCAAG TTTAAGCTTT	720
	ATATTTATAG GTATGCTTGG CGTGTTAAGA GGTTATTATC AATCTGCAAA TAATATGACA	780
10	GTTCCGGCTA TTTCCAGGT TATAGAACAA GTTATACGAG TAGGTATTAT CATTGTTACT	840
	ATTGTTATTT TTGTAGACAG AGGTTGGACG ATATATGAAG CGGGAACAAT TGCTATTTTA	900
	GCATCAACGA TAGGTTTTTT AGGTTCTTCA ATTTATTTAG TAGCGCACCG ACCTTTTAAG	960
15	TTTAAATGG TAAATAACAC TGCAAAGATC GTTTGGAAAC AGTTCGCACT TTCGGTTTTG	1020
	ATTTTCGCTA TCAGTCAATT AATCGTAATT TTATGGCAAG TGATTGATAG TGTTACTATT	1080
20	ATTAAGTCAC TTCAAGCGAT ACGCGTGCCA TTCGATGTTG CCATAACTGA AAAAGGAGTC	1140
	TATGACCGTG GTGCATCATT TATTCAGATG GGATTGATTG TAACTACAAC ATTTAGTTTT	1200
	GCGCTCATT CTCTGTTAAG TGACGCAATC AAAATGAATA ATCAGGTACT TATGAATCGT	1260
25	TATGCAAATG CGTCATTAAA GATTACGATT TTAATAAGTA CAGCAGCGGG AATAGGATTA	1320
	ATTAATTTAT TGCCTTTAAT GAACGGTGTG TTTTTTAAGA CGAATGATTT AACCTTAACG	1380
	TTAAGTGTTT ATATGATTAC GGTCAATTGT GTATCGTTAA TTATGATGGA TATGGCATT	1440
30	TTACAAGCGC AACATGCTGT GAGACCTATT TTTGTTGGTA TGACGGCAGG ATTGGTTATT	1500
	AAATTTATAC TTAATATCAT TTTGATTCGT TTAAGTGGCA TTATTGGTGC GAGCATTAGT	1560
	ACTGTTGTAT CATTAATTAT ATTCGGTACG ATTATCCATA TTGCTGTCAC GAGAAAATAC	1620
35	CACTTATATG CGATGAGACG ATTTTTTATC AATGTTGTTT TAGGTATGGT ATTTATGTCTG	1680
	ATTGTTGTTT AATGCGTGTT AACATAGTG ACAACACACG GTAGAATCAC TGGACTCATT	1740
40	GAATTATTAT GTGCAGCAGT ATTAGGTATC ATTGCATTGT TTTTCTATAT TTTTAGATTT	1800
	AATGTTTTGA CATATAAAGA GTTAACTTAT TTACCATTTG GTTCAAAGTT GTATCAAATT	1860
	AAGAAAGGAA GACGTTGATG GCACATACCA TTACGATTGT TGGCTTAGGA AACTATGGCA	1920
45	TTGATGATTT GCCGCTAGGG ATATATAAAT TTTTAAAGAC ACAAGATAAA GTTTATGCAA	1980
	GAACGTTAGA TCATCCAGTT ATAGAATCAT TGCAAGATGA ATTAACATTT CAGAGTTTTG	2040
	ACCATGTTTA TGAAGCACAT AACCAATTTG AAGATGTCTA TATTGATATT GTGGCGCAAT	2100
50	TGGTTGAAGC TGCTAATGAA AAAGATATTG TCTATGCGGT TCCGGGTCAT CCTAGAGTTG	2160
	CTGAGACAAC TACAGTGAAG TTACTGGCTT TAGCAAAGGA CAATACTGAT ATAGATGTGA	2220

55

TGCATTAATT TTAGGTTTAA TTGGAGGTTT CCTTTTAGCT AGAAAATATA TGATGGACTA 1080  
 CTTGAAGAAA AACCACCAA TCAACGAAGA AATGCTTCGT ATGATGATGA TGCAAAATGGG 1140  
 5 TCAAAAACCT TCTCAGAAGA AAATTAATCA AATGATGACG ATGATGAATA AAAATATGGA 1200  
 TCAAAATATG AAGAGTGC GA AAAAGTAAAT TCGCAATTGA TAGAGGCTAT TTTCCAGATA 1260  
 TGGAAATGGC CTCTTTTAT AATCAAATTA ATAAGAATAA ATATGTTTAT TAAAATTAAA 1320  
 10 GTTAACAAAA TGACGAATAG ACTGAGAAAT GCTATAATTC ATTTTGTATG ATTTACAGAG 1380  
 AGTTTATTTA ACGAGAAGGT GTCyGCGTGC TCTATTTAAT ATTTTCAATC ATTGTAGCTT 1440  
 TATTTATGGG AACTATAGTT ATAGTTATTC GTATGAAAGC TCAAAATTAT CCGGTAAAKG 1500  
 15 AGAAAAAAT AGTTTTGCCa CCgTTTTTTA tGGCgACCGG TGCATTGATG TACGTCGTTT 1560  
 CaTATTTTAG GCTAACAGGA TCGGAAATGC TAGAAGCCTT TATAATTGGT TTGCTTTTTT 1620  
 CtACAGTTCT AATTGGACT TCTCGATTG AAGTCAAAGG TACAGAAATT TATATGAAAC 1680  
 20 GATCTAAAGC ATTTCCAGTT ATTTTGATTT CATTACTTAT CATTGCTACT GTGATGAAAA 1740  
 TATTCATTAG TAATGAAATA GATCCTGGAG AATTAGGCGG CATGTTCTTT TTATTAGCAT 1800  
 25 TCTGTATGAT TGTTCTTGG AGAGCAGCAA TGCTATATAA ATACAAAAAA CTAAAGAAAA 1860  
 CATTAATCAA TTAATTACTT TTaAAACCAC TTGTGATCGA CTTCTAAATC AGTCAATGAG 1920  
 TGGGTTTAAT nTTACTTGGA AAAGGnGGAA AGG 1953

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 375:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3787 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 375:

ACATTTGATC AAnTTATCGA CATTAAAGAT GAATTCAnTT GATCGTnTCA ATGATTATCC 60  
 TGTTGAAGTA GCACGTTTGC TTGATATAGT GGAmATaAAA GTACACGCAT TACATTCAGG 120  
 45 TATCCACGTT GATTAAAGAT AAAGGGAAAA TAATTGATAT TCATTTATCT GTAAAAGCCA 180  
 CTGAAAATAT TGATGGCGAA GTGCTGTTCA AAGCAACACA ACCTTTAGGT AGAACAATGA 240  
 AGGTTGGTGT TCAAAATAAT GCAATGyCAA TTACTTTAAC GAAACAAAAT CAATGGCTTG 300  
 50 ATAGTTTGAA GTTTTATGTT AAGTGCAATG AAGAAAGTAT GAGAATCAGT GATGAAGCAT 360  
 AAAGAAGCAT TTAATGGCGT TGTCGTGTTA ACTGCTGCAT TAATTGTCAT TAAAATTCTG 420

AAGTTAAACA ATATGGTGAA AACTCATTG TGGACATAG CCAACAAGAA TATCCACAGT 900  
 TCTTATATGA AAATGTGATG TCAAAAATTT CATCTAGAGA TGGCGAAGAC TTAAACGTC 960  
 5 CTAGCTCAGT AAGTGGTAGT ATCCCATCAA TCAATGTTTC TGGTAGTCAA GATAACAACA 1020  
 CTACAAATCG TAGTACACAC GGTGGTAGTG ACACATCAGC AAACAGCAGT GGTACTGCAC 1080  
 AATCAAATAA CAATACTAGA TCTCAACAAT CTAGAAACAG CGGTGGATTA ACAGGTATAT 1140  
 10 TCAACTAATC CACTCAACAT AAAATCCTCA GTTATACCAT ATTTATGGTG TAGCCGAGGA 1200  
 TTTTnTTAGG TTCTTCATCT TTTATGG 1227

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 374:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1953 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 374:

25 CCATATGGtG CAACATTCTT CGTATTTAGT GATTATTTAA AACCAGCGTT ACGTTTATCA 60  
 TCAATTATGG GATTAAATgC aACGTTcATC TTCACACATG AyTcaATTGC AGTAGGTGAA 120  
 GATGGTCCTA CTCATGAACC AATTGAGCAA TTAGCTGGAT TAAGAGCCAT TCCAAATATG 180  
 30 AATGTTATCC GTCCTGCTGA TGGTAATGAA ACAAGAGTAG CATGGGAAGT TGCCTTAGAA 240  
 TCTGAATCTA CACCTACTTC ATTAGTATTG ACACGTCAAA ACTTACCGGT ATTAGATGTA 300  
 CCAGAAGATG TAGTTGAAGA AGGCGTTGCGA AAAGGTGCCT ATACAGTTTA TGGCTCTGAA 360  
 35 GAGACACCAG AATTCCTATT ATTAGCTTCA GGTTCAGAAG TTAGTCTTGC AGTTGAAGCT 420  
 GCTAAAGATC TTGAAAAACA AGGTAAATCA GTACGTGTTG TTTCAATGCC TAACTGGAAT 480  
 GCATTTGAAC AACAATCTGA AGAATATAAA GAATCAGTTA TTCCATCAAG CGTAACAAAA 540  
 40 CGTGTTGCGA TTGAAATGGC TTCACCGCTT GGATGGCATA AATATGTAGG TACTGCAGGT 600  
 AAAGTTATTG CTATTGACGG CTTTGGCGCA AGTGCACCTG GCGATTTAGT AGTTGAAAAA 660  
 TATGGATTTA CAAAAGAAAA TATCTTAAAC CAAGTTATGA GCTTATAAGA ATAATTTATA 720  
 45 AAGCGAGTAT GTTTAGAAGT CTAGGATGCA TAATCTTAGG CTTCTTTTAA AGTGTTGAAA 780  
 TTTAGAGTAT AGCACTTAAA CTACATCATA AGTGATAAGT TATGAAAGTA TACTATTTCA 840  
 50 GATTAATCTT TAAAAGCTCT GTTATAACAG CATGATTTTT GATATTATTT TTAGTATCGA 900  
 TATTAAAAATA CTTGAATAAA CTAGTTCTTG AAATAATGTG ATGAATTTAG TAAAATTCAG 960



AGTCATATAT GCGTTTATCT AGTCTATCTA TAAATTGCTG CATATCTGCA ACTTGTTGAA 1080  
 TATCCATTTG ATTAGTGGAT TgtGCGCTTG CTGTTGCAAT TGTGGTAGCT TTTCATTTTC 1140  
 5 TAATTGCAAC TTTTTTTGct GTGCAGCAAT GATATGCAAT GATAAGTCAT CAAAGTATTG 1200  
 TTTGTTTTTA TCATATAGCG TATCTAATAA TTCAATATCT CTTGTTAAAT GTGTTTGATG 1260  
 TTTCTGCAGT TGAATCGTTA TGCATCGAC TTGAGCACTA ACTGATTGCA TTCTTGAAAA 1320  
 10 GATTTTCATTG ATAGACGACT TTGCTCTGCT AAAAATTCTT TTTAACATAG ATGGTTTATC 1380  
 AGTATTTAAC TCATTGGAT TAACTGACTT TAGTTTTGAC ATTAGATCTG ACAAAGTATC 1440  
 15 TCCAATAGGA CCAACATCTT TACTTTGTAC TTCATCCAAC ATTTGATGTG AAAATTGAGA 1500  
 CATTGTGTTT TGKAAATCAG AACCAAACGC TAATAAACCT TCATTGTCTA AAGGGTTAAT 1560  
 TTGTTTACTG ATTGTGTCTA CCTGTTTTTG TTGTTCAATT 1600

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 373:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1227 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 373:

30 ATGTTGATAA TGGTAGCTTC TACAAGAATA AAGACCAACA AGTTGGTGCA ACAATTCTTG 60  
 aTAGTAAAAC TGGTGGTTTA GTTGCTATAT CTGGTGACG TGATTTCAAA GACGTCGTTA 120  
 ACAGAAACCA AGCAACAGAT CCTCACCTA CTGGTTCATC TTTAAAACCT TTCTTAGCGT 180  
 35 ATGGACCTGC CATTGAAAAT ATGAAATGGG CAACAAACCA TGCATTCAA GATGAATCTT 240  
 CATATCAAGT TGATGGTTCT ACATTTAGAA ACTATGATAC GAAGAGTCAC GGTACTGTAT 300  
 CTATTTATGA TGCTTTACGA CAAAGTTTCA ATATCCCAGC TTTAAAAGCT TGGCAATCAG 360  
 40 TTAAGCAAAA TGCTGGTAAT GATGCACCTA AGAAATTCGC TGCCAAACTT GGCTTAAACT 420  
 ACGAAGGCGA TATTGGTCCA TCTGAAGTAC TTGGTGGTTC TGCTTCAGAA TTCTACCAA 480  
 45 CACAATTAGC ATCAGCATTG GCTGCAATCG CTAACGGTGG TACTTATAAC AACGCGCATT 540  
 CAATTCAAAA AGTAGTTACT CGTGATGGTG AAACAATCGA ATACGATCAT ACTAGCCATA 600  
 AAGCGATGAG TGATTACACT GCATACATGT TAGCTGAGAT GCTAAAAGGT ACATTTAAAC 660  
 50 CATATGGTTC TGCATATGGC CATGGTGTAT CTGGAGTAAA TATGGGTGCT AAGACAGGTA 720  
 CTGGTACTTA CGGTGCTGAA ACTTATTCAC AATATAATTT ACCTGATAAT GCAGCGAAAG 780

CTGTATTTGA ATTAATGAAT GAAAAGATAA AACATCAAAT GCCAGGTGAA AGTGGGCTCA 1500  
 TTGCTCTTGA TTGGCATAAT GGAAATCGAA GTGTATTAAG TGATAGCAAT TTAACAGGTT 1560  
 5 GTATCTTTGG ATTAACTTTA CAAACTAAGC ATGAGGATAT TTATAGAGCm TATTTaGaAG 1620  
 CTACaGCATT TGGTACTaAG ATGATTATGC mACAGTATCA AGATTGGCAT ATGGaAGTAG 1680  
 aAAAGGtATT TGCaTGTGGc gGTatACcTA AAAAGAATGC TGTTATGATG GATATCTATG 1740  
 10 CGAATGTACT GAATAAAAAA CTAATTGTTA TGGATAGTGA GTATGCACCA GCAATAGGCG 1800  
 CAGCAATATT AGGTGCAGTC AGT 1823

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 372:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1600 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 372:

25 ACGATCATCT GCATCAGCGA ATTCCGATGc AaTTcATATG tCCtAATAAC AAAAGAATAG 60  
 GTTTTaAAAAG ATATGCATAC CGTAATGaTA GATATAGTTT TAAACGTGAC TTCAAGCTAT 120  
 ATGaATGTGA TGA CTGTTC TCATGTTCTT TGAGACATCA ATGCATGAAG CCAAATTCGA 180  
 30 AATCCAATAA GAAAATTATG AAGAATTATA ATTGGGAATA CTTTAAAGCC CAAATTAATC 240  
 AAAAGCTTTC TGAACCAGAA ACGAAAAAAT CTATAGTCAA AGAAAAATTG ATGTAGAGCC 300  
 TGTTTTTTGGA TTTATGAAGG CTATTTTGGG TtTCACTCGA ATGTCAGTTC GGAATAAAT 360  
 35 AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTGTATTA ATGGCACTTA ATATAAGGAA AATAgcaGCT 420  
 CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAAATAAT 480  
 AGAAATCAGC TTTTTTACAT TGCCTAAGAA CTTTAAGGAA CTTAATGTCC CAAGCTCTTT 540  
 40 TTTGTTATAT CTAATTCGTA ATTTATGATT GTTTATTCGG TCCTTTGATG TTTACTAAAT 600  
 GTGACTTTAA ATCTTGTTCT AATTGTTGTA ATTCTTTTC AGCTAATTGT CGTTCTTCGC 660  
 45 GACCGTGTTG TTGAATAATT AATGTTTCTT CAATTGTCTC AATAATGTTA CGCTGTGTAC 720  
 GTTCAATGT ATCAAGATCA ACAATGCCAC GCTCATTTTC TGTTGCAGTT TCAATCGCAT 780  
 TTGTTTCAA CA'ITTCAGCA TTTGCTGTTA ATAAATCATT AGTTGTATCA GTGACAGCTC 840  
 50 GTTGTGCAGC AACTGCATTA CGCTGTCTCA TTAATGTAAG CGCAATGGCC ATTTGATTTT 900  
 TCCATAGTGG AATACTTGTC AAAATTGAAC TTTGTATCTT CTCGGCAAGT GCTTGATTAA 960

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 371:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1823 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 371:

	ATAGATGAAG GTGCAAATAT TGAAaTAGGT TATTTACCTG GACGCTTGAA ATGGTTAGTT	60
15	GCTGATTTAT TAACTAAACA AGGATTAAAA GTAGTTAAGC ACGATATGAC AGGAAGAACG	120
	TTAAAAGATC GTAAATTATT AACAGGTGAC AGTCCTTTAG CTTCAAATGA GTTAGGAAAA	180
	TTAGCAGTTA ATGAAATGTT AAATGCAATA CAAAATAAAT AATTAAATAT TAATTAGAGG	240
20	AGCCTCATAT GTAAATGTAT GAGGGCTCTT TTTTGGCA AAATTTAAGT GATACTTGTA	300
	AAATAGAACC TATTATGAGT ATGATTTAAG AAAACGCTTG CAAACTAAT AACCGCAACT	360
	AGCGATATGG AGGAAACATG ATGTCTTATA GCATTGGAAT TGATTATGGA ACTGCTTCAG	420
25	GCCGTGTGTT TTTAATTAAT ACAACTAAGC GTCAAGTAGT ATCAAAATTT GTGAAACCAT	480
	ATACACATGG TGTCATTGAG AGTGAATTAA ATGGTTTGAA AATACCACAT ACATATGCAC	540
	TTCAAAATAG TAATGATTAT tTAGAAATTA TGGAAGAAGG AATATCATAT ATAGTACGTG	600
30	AATCAAAAT AGATCCAGAC AATATAGTAG GTATTGGTAT AGACTTTACT TCATCTACTA	660
	TTATTTTAC TGACGAAAAC CTTAACCCGG TACATAACTT AAAACAATTT AAAACAATC	720
	CACATGCGTA TGTGAAACTT TGGAAACATC ATGGTGCATA TAAAGAGGCA GAGAAATTAT	780
35	ATCAAACTGC TATTGAAAAT AATAATAAGT GGTTAGGCCA TTATGGATAT AATGTTAGTA	840
	GTGAATGGAT GATTCCCAA ATAATGGAGG TCATGAATCG AGCACCAGAA ATTATGGAAA	900
40	AAACGGCTTA TATTATGGAA GCGGGCGATT GGATTGTAAA TAAATTAACT AATAAAAATG	960
	TACGCTCGAA TTGTGGATTA GGTTCAAAG CATTTGGGA AGAAGAAACA GGGTTTCATT	1020
	ATGATTTATT TGATAAAATA GACCCCAAAT TATCAAAAGT AATTCAAGAT AAAGTATCTG	1080
45	CACCGGTTGT TAATATTGGT GAAGCAGTAG GGAACTGGA TGATAAAATG GCACAGAAAT	1140
	TAGGATTATC AAAAGAACT ATGGTAAGTC CTTTATTAT TGATGCCCCAT GCTAGTTTAT	1200
	TAGGTATTGG GTCTGAAAAA GATAAGAAA TGACTATGGT GATGGGAACA AGCACATGCC	1260
50	ATCTTATGTT AAATGAAAAG CAACATCAAG TGCCAGGTAT ATCAGGTTCT GTAAAAGGAG	1320
	CAATTATTCC AGAATTATTT GCTTATGAAG CGGGGCAATC AGCAGTAGGT GATTTGTTT	1380

ACACATATAT TTGCAATAAG ATAATTAAAG TAGGATATTA TTTTtagTTT TCTGATAGGA 1980  
 ATGATGATAG TCTATAGGTT GAATCTTTAC TTTTTTTTAA AGCTAAATTT ACATCAACTT 2040  
 5 AACAAATGGTT GGTtATACTG AAGATGAAAA TATTTAGTAT AACTTAGTGG AGGCGATAAA 2100  
 GGTGCAATTG AGTCATTCCG TTAAAGTTGC AATTTCTATC TATTTAGCAC TTATCTTTAT 2160  
 AACGTTCACT TCTTATTTAG TCATTATTTT ATATACGAGT ATGACTGGAC ATGATGTATC 2220  
 10 ACATTTCTGTG TTAGATAGTC AGCATTCTCA TCATGGATCT CTTACGCAAA AACATTTGAG 2280  
 TCTTCCTGAA ATCTCATTa AATAGTTTAT CCTCTGTGTT TCAACATTCA TTTCCCATAT 2340  
 CGATTCATT ATCTATCATC TAGACCACTA CATCTTAGAT GATTTTTTTA TTTTCTCATT 2400  
 15 TCACTCTTTC TTAAAAGTCG ATATAATGAA TTAAATCATT ATCATAcACC GACATATTTT 2460  
 ATGTTGTTGG TGTTAAGTTT aAAGGGGTGA GATACTTGGC GAATaATCaT TCAGCTTT 2518

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 370:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 790 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 370:

30 ATACTACTGG ACCGTCnACC AATTGACAAA ACCTGAAAAC TGGATTTTTTA TTGCAGGATT 60  
 ACATCGAACC TGGAAGAACA ATCCCCAGGA GTTGATGATA TTCGAGATAT GGCATACAAT 120  
 CAAGGTAGTT TAGATAAGAC AATTTATGAA ATTTCTAAAC GCACAGTACT ATTTTtAATA 180  
 35 CAGAAAGATA TTACGGTATA TAATAAGACG ATTGACTGTT TAAATTATTA TAACTATAGT 240  
 GACGAAAGAA TAAAGGATGA TTAAATGAAT TCACAAGAAT TATTAGCAAT TGCTGTGGAT 300  
 GCAATTGACA ATACCCCAGG CGAAGATACG ATTTCTTTAG AAATGAAAGG TATCAGCGAT 360  
 40 ATGACAGATT ATTTTGTGTG AACGCACGGA AATAATGAAC GACAAGTTCA AGCGATTGCT 420  
 AGAGCGGTGA AAGAAGTAGC CAATGAACAA AATATAGAAG TAAAACGTAT GGAAGGATAC 480  
 AATGAAGCGC GTTGGATATT AATTGACTTA GCTGATGTTG TGGTACATGT TTTCCATAAA 540  
 45 GACGAAAGAA ATTATTATAA TATTGAAAAG TTATATCAAG ATGCACCATT AGAATCATAT 600  
 AGTCAGGTTG CGTATTAATT ATGTCGCAAT ATGCAGAAAT GAGCCTAGTG TACGATCAAT 660  
 50 TGACTCAAGA TCAACCATAT GAAAAATGGT TTGAAATTGT AAAAAATCAC TGCAAAGATG 720  
 AATCAAATAT TTTAGATATT GGATGCGGTA CTGGTAGTTa ACAGTTCAAT TAGAAGCTTT 780

	GATAATTTCh	AATGTAGCGA	CCATCATTAC	GAGATGATTT	GATATAAGCA	CAGTTTGGAT	180
	GTTGACCAAT	ACTATCGCCT	TCTTCTTCGA	TGATATCTAT	TTAATACCA	TCATCAGCTG	240
5	CAATTTCTAA	TGAAGATTTA	ATTCGGTTAT	CAAATGTTGA	ATATCCCATT	GCTCCACCCA	300
	CAATAGCGAC	ATCTGTACCA	TGTCCTTGGT	GTGTTTGAGC	AAATGATTCA	TAATAATGTA	360
	TTTCAATATT	TTTAGGAATA	TCTCCCAATA	TTGCGCGTGC	TGAATTCCCA	ATCTTTACTG	420
10	CACCAGCCGT	ATGAGAACTT	GAAGGGCCCA	TCATAACTGG	TCCGATAATA	TCGAAAGCAC	480
	TTTGATAATC	ATAGCTCTTT	GCCATAATTA	AACACTCTCC	TTAATATGAT	TCTTTTGGCT	540
	CGGCATTTTA	AAGTTGATAT	TCATTAAATT	AAACTTATTA	ATTAGTGTTT	CAATAATATA	600
15	GGCTAAGACA	ATGCTGACAA	TAATCACTGT	TGCGATTGTT	ACAATTGATG	TCACTGCATT	660
	ATTAAAGCCA	AACAATACGA	TGGCGCCTGC	AATTGGTGTT	GCCATACCTT	TGACACCTAT	720
20	TACTAGTCCG	CTAAATGTCA	CGATACATGC	GTTGACGACC	CCAATCAGTG	CATTTGTACC	780
	ATATAGTTGT	ACTGGATATT	GCGCTATTAA	ATCAATTTGC	GTCAATGGCT	CAATACAAAC	840
	TGCAAATGCT	TTTGACGGTC	CACCAATGTT	TAATTTTCGG	AATAAAATAA	GGTTAACAAA	900
25	TGAGCTACCT	GTACATGTTA	GTGCTCCAAT	AGCCATAGGA	ACACCTGTCA	GTCCTAATAA	960
	ACTTGTTAAT	ACCATGAAC	TTAGCGGTGT	CATACCTGTA	ACAGGAATCA	CTAGTCCTAA	1020
	AATGACCGCT	AATGCATATG	GATTGTTATC	ACCTACCGCA	GTGACAGCAC	TACCTATTTG	1080
30	TTTTAATGTT	GCTAGCACAC	CAGGTGTAAT	GATTGATGCA	AGTCCGAAAG	CAATTGCTGG	1140
	TGCAAATAAG	ATCACCACAA	TTAAGTCCAA	GCCTTCTGGA	ACTTTCTTTT	CAATCCATTT	1200
	AATTAAAAAA	GcTACGCCAT	AAGCTGCGAT	GAATGCTGGT	AATAATTTAA	AGTCATGTAA	1260
35	TACTAAACCA	ACAATGACCG	CAAATACTGG	TGCAACGCCT	AAGTTTAAGC	ACGTTAGAAT	1320
	ACCTACTGcG	ATACCGCTTA	AACTTCCTGC	TAAATCCCCA	ATATCTTGTA	GAAATTTAAT	1380
40	ATCAAATACG	CCACCAATAG	CATAACTTAA	GAATGCTTGT	GGTAGAAATG	TCGCACAAGC	1440
	TGCACCGGAT	AATGCTTGTA	GTCCTTGTTT	ACCGTACGGT	GCATACTTTA	AAAATAGCGT	1500
	CATGATCACT	AAAACCAAGA	CTAATGTGCC	TACACCTAAC	AGAATATCCA	TTTCCCAAAA	1560
45	ACCTCTCTCT	ATGTTTATTT	TATTTTCAGA	CCATAAACAT	CGTACACCCT	TAAGAAAACG	1620
	TTTTCAACTT	TTATCTGTTA	TCAAATCaAA	TATTTAAGTG	AAATATTTCA	TATTTGTGAA	1680
	AGATTTTTAA	AATGGATTGT	TTCAAAAAC	ACTTATGTTG	TCGTTAATAT	TTACTAATTA	1740
50	ACTTTTTACT	CTATATTTCA	AACAGTTGTG	TGACAGTTTT	TTGATAACTT	TTTTACATCT	1800
	GAAAGTAAGT	AATATTTCTA	AAAACTTTTA	ATATTTATAC	ACTTTATCTT	TCGAGCTATT	1860

55

TAGTCCACCT AGTTGTTTAG CGGGTAGTGC GTCGCGATAC GATTTAGCTT GGGCAAAAAA 1500  
 TGATAACAAT TTTTCAGAAT CATTGCTTTC AATTAGTCTT TCTAAATCTT GAAACTGACT 1560  
 5 TTTTAGCTGT CGAATCATTT CTAAAATATA CGTTTTATTA CTCAAGGTGA TATCTTTCCA 1620  
 CATTGTGCA TTACTIONACTAG CTATACGAGT GATATCACGA AAACCACCAG CTGCAAGTTT 1680  
 ATTAATAAA TGATGTTCTT GACCGTTCTT TTGACTAACA TGAATAAAC TAGATGCAAC 1740  
 10 GATATGAGGT AAATGACTTA CGACGTTTGT TACGTAGTCG TGTTCTTCAG CAGTAGTTAC 1800  
 AATAAATTTA GCAAGAGTAG GTGATAACAG TTCTTTTAAC GTGTTTG 1847

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 368:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 494 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 368:

25 AACAAAAGGC ATAAGTTCGT GAATTAATGC GTATACAAGG ATAAAGCTTA TAACAGTAGT 60  
 AATTGTTGCT ATCAAACGAA CAACATATAT TCTATTTTCA GATAGCAATC GATTCATAA 120  
 TCGATAATTT ACGTATACAA GAATTAACAA CAGCACAATA TAAACAATAA TCATATTTGG 180  
 30 CCCCATTAA TTTTAAATT TGTTTTCA CA TCATTTTCTA CTTTATTATC ATACTAATTT 240  
 TAAAGGCAAA GGTGGACATC GGCAACCTCT CGTAACTAT TTATCAAAA TAAACGTATC 300  
 TCATTGTTAT GATATTTATA AATCAATTCG TTTTATTAA AGTCTTTTTC AACAAGTTTG 360  
 35 TCACTATCTA TTAAATAATC ACGCATGCAT CCTTTTAAGA AATCATCTTT ATAACCTGGT 420  
 GTGTACCATT TTCCATCCTC TTCAATGACA ATGTTGCCAA TATCAAATTC AAGGACCTTG 480  
 40 CCGTCCTCTG AAGT 494

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 369:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2518 base pairs  
 45 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 369:

50 GTCCATATTT CCCGTCCAAC CAACTAAAAA TGGGTAAATC CCTGGATTTa AATCTACTTC 60

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 367:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1847 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 367:

	AAGATTAGGC ATCAAGACAG GGTCGCGATT GTTTGAAATC CCACATAGnA ATGATATTTa	60
5	CaTTATCAAT CCaAGTATGC GTAAATATCT TAATGTTTCA GTTGCTATTT CTAAGATTGC	120
10	ATTGCGTTAT ATTCCACCTG AAGATTTACA CCAATATAGT ATTGACGAAT TTTTATGGA	180
	TGTTACTGAT AGCTATCATA GATTTAGTTC TACAGTACAT GCATTTTGCG AAAGACTTAA	240
15	ACGTGAAATT TATGAAGAAA CAGGCATTTA TTGTACTGTG GGCATTGGTT CTAATATGTT	300
	ATTAAGTAAA ATTGCTATGG ATGTTGAAGC GAacATAGTc AAAATGGTAT AGCTGAATGG	360
20	CGATATCaAG ATGTACCAAC GAAATTATGG CCAATTcmGC CCtTGCgAGA TTTTGGGGT	420
	ATTAATCGTC GAACAGAAGC CAAATTGAAT AAAAGAGGAA TTTTACTAT AGGAGATTTA	480
25	GCGAAATATC CATATAAATT TTTAAAAAAA GAGTTCGGTA TTTTAGGTGT TGATATGCAT	540
	CTACATGCGA ATGGGATAGA TCAGAGTAAA GTACGTGAAA AGCACAAGAT CAGCAATCCA	600
30	TCGATATGCA AAAGTCAAAT ATTAATGAGA GATTATCATT TTGATGAAGC AAAAGTAGTA	660
	ATGCAAGAGT TAATTGAAGA TGTGCTAGC AGAGTTCGAG CAAGAAAAAA AGTGGCAAGA	720
35	ACGATACATT TTGCCTTTGG CTATAGTGAT GAAGGCGGTG TACATAAGCA ATATACTTTG	780
	AAAGATCCAA CAACTTAGA AAAAGATATT TATAAAGTAG TAATGCATTT CGCAGATAAA	840
40	TTATGTAATA AACAAGCACT ATATCGTACG CTAAGTATAT CTTTGAGTCA ATTTATTAAT	900
	GAGGATGAGC GACgTTAAGT CTGTTTGAAG ATGAATACCA ACGCAAACGT GACGAATGTC	960
45	TAGCTAAAC GATAGACCAA TTACATTTGA AATACGGCAA AGGTATTGTG TCCAAAGCAG	1020
	TATCGTTTAC AGAAGCAGGT ACAAACACG GCAGATTAGG TTTAATGGCT GGACATAAAA	1080
50	TGTAATGACT ATACGGTTTA AGTAATATAT AACTGTGATT CGTATAAAAT AAGTCTCTAA	1140
	AGATAAATAT TTCATATATC ACAATAGATT TTCACAATA TATCTAAGAA TACATGGAAT	1200
55	TTATCAAAAG AGACTTAATA ATTATTGGAT ATAACAATCA AAATCACTCA ATGCTTGCAT	1260
	ACCGCGTTCT CGGTCAGTAG GGTTTTGA ACTAATTTT AAAGCACCGT ATATATCTTC	1320
	GCGTACTTCT AAGATTCTTA AGTTGCTTAT AGATATGTTA TGTAACCTCA GGATATAAGT	1380

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 366:

	aaaAGAGACG CATTaAAACA AGCTATACAA ATTATCGATA AATTAACATG GGGTGTTTAG	60
5	TGGTGGTTAA AGAAATTTTG AGACTATTAT TCTTACTAGC GATGTATGAG CTAGGTAAGT	120
	ATGTAAGTGA GCAAGTATAT ATTATGATGA CGGCTAATGA TGATGTAGAG GCGCCAAGTG	180
	ACTTTGAAAA AATCAGAGCT GAAGTTTCAT GGTAATAGCT ATTATCATT TTTGAATTAAT	240
10	TATATTAATG TGTGTAGCAA TAGCACTGGA GGTGTTGTAA ATATGTGGAT TGTCATTTCA	300
	ATTGTTTTTAT CTATATnTTT ATTGATCTTG TTAAGTAGCA TTTCTCATAA GATGAAAACC	360
	ATAGAAGCAT TGGAGTATAT GAATGCTTAT CTTTTCAAGC AGTTAGTAAA AAATAATGGT	420
15	GTTGAAGGTT TAGAAGATTA TGAAAATGAA GTTGAACGAA TTAGAAAAAG ATTCAAAAGC	480
	TAAAGAGAGG CGTTGGCTTC TCTGCTCTAT CyAAAATAAT GAAAGGAGCC saACATGTTA	540
20	GaCmAAGtCA CTCAAATAGA AACAAATAAA TATGATCGTG ATGTCTCATA TTCTTATGCT	600
	GCTAGTCGTT TATCTACACA TTGGACTAAT CACAATATGG CTTGGTCTGA CTTTATGCAG	660
	AAGCTAGCAC AAACAGTTAG AACTAAAGAA GATTTAACTG AGTACAATAA AATGTCTAAG	720
25	TCTGAACAAG CCGATATAAA AGATGTTGGC GGATTGTGCG GTGGATATTT AAAAGAAGGC	780
	AAACGGCGTG CTGGTCAAGT CATGAATCGT TCAATGCTAA CACTTGATAT CGATTATGCA	840
	GCCCAAGATA TGAAGTACAT ATTATCTATG TTTTATGATT TTGCATATTG TTTATATTCA	900
30	ACACATAAGC ATAGAGAGAT AAGTCCAAGA CTGCGTTTAG TGATTCCTTT AAAACGAAAT	960
	GTAAATGCAG ATGAGTATGA AGCTATTGGG CGTAAAGTCG CAGATATCGT TGGCATGGAT	1020
	TACTTCGATG ATACAACTTA TCAACCACAT AGGTTAATGT ATTGGCCTTC AACTAGTAAC	1080
35	GATGCGGAAT TTTTCTTTAC CTATGAAGAT TTACCTTTGT TAGACCCAGA TAAAATATTA	1140
	AATGAATATG TTGATTGGAC TGACACATTA GAATGGCCAA CGTCTTCAAG GGAAGAGAGT	1200
	AAGACTAAAA GATTAGCAGA TAAGCAAGGC GACCCAGAAG AAAAGCCGGG AATTGTTGGT	1260
40	GCATTTTGTA GAGCCTATAC GATAGAAGAA GCTATAGAAA CTTTTATTCC TGATTTATAC	1320
	GAAAAACATT CTACTAACCG TTATACCTAT CATGAAGGTT CAACTGCAGG TGGATTGGTG	1380
45	TTATACGAAA ATAACAAGTT TGCCTATTCT CATCATAATA CGGATCCCGT AAGCGGTATG	1440
	CTTGTGAACA GTTTTGATTT AGTACGCATA CACTTATATG GTGCTCAAGA TGAAGAACT	1500
	AAAACAGATA CTCCGGTTAA TCGACTACCT AGTTATAAAG CAATGCAGCa AAGAGCGCAA	1560
50	AATGATGAGG TTGTTAAAAA GCAATTAATT AATGACAAAA TGTCTGATGC AATGCAGGaT	1620
	TTCGATGAAn GAGAAAATAG CGATGATGCA TGGTCTGAGA CGTTnGAAAT TACTTCGAAA	1680

55



	TTTTCAATTAT TCCATTTACA ATTCATATAG GATATATCGT CTATAAAGAT GAATTGAATC	5400
	AGGAAAATGT AAAAAATCAT TTCATGTGGA TAATTGTGAG TTATGGTATA AGTTACTTAA	5460
5	TTACACAAAT TGCATTGTAT GGCAGAATTG ATGCTAATGA AATAGAGTCA ATTGATATCT	5520
	TAAGTGTCAA TGCTTTCTTT ATAATTATGT GGTACTTGG TCAAATGGCT ATTTGGAATT	5580
10	TCTTGTTCTT GCGCCGAGCT TTACCTTTAA CAAAGCAAGA ATTAGGTGAA GAGGAGCCAG	5640
	AATTATCAAG AACAAGTAAA GGAATGTCA CGAATCAAAC TAAAATTCAC TTGAAACAAC	5700
	TCCAAGATAA GACTACAGAA TATGCACGTA AGACAAGAAG AAGTGTCGAT TTAGATAAAA	5760
15	TTAGAGCTAA AAGAGATAAA TTCAAAAAGA AAGTTAATGA TATTATCGAT ATTCAAGAAG	5820
	ACGATATTCC TGATTGGATG AGAAAACCGA AATGGGTAA ACCAATGTAT GTCGAACTAT	5880
	TTTGTGGTGT CGTCATCTTT TTATTCACAT TTTTAGAATT TAATAATCGT AATGCATTAT	5940
20	TTGTATCTGG TGATTGGAAA TTATCACAGA CACAATATGT TATTGAATGG GTTACATTAT	6000
	TAATTCTGTT ATTCATTATT ATCGCATATA TCGCTACAAC GTTAACTTTC CACTTGAAAG	6060
	GTAAGTTTTA TTATTTACAA TTATTTATGG GGAGCATTTT ATTCTTTAAA TTGTTAACGG	6120
25	AAATTATAAA TATAATGATT CATGGACTAT TACTTTCAGT GTTCATTACG CCAACATTAC	6180
	TATTAATGTT ATTGGCAATC ATCATTTCTT ATTCGTTACA ATTACGAGAG CGACCATAAT	6240
	TAAAAGCATT ATAAAAGTAC TATCTATTAA ACATTTTGAT GTGTACGCTA TAAGTTAGAT	6300
30	ATATCTCTAA CTTACTTAGA TACAGGTCAA TGAAGTTTAT GGATAGTACT TTTTTTGTA	6360
	CTAGATTTGA TTGATTGAGG TGATGTGAAT TAAGTATTGA TAATTGTATA CAAAGTTTTA	6420
35	GTGCAAATAA AATAGTTGAA AAGTTATCCA TTTGTAAAT CAAGAAACT AGTAAATAGT	6480
	TGAAGCGACT TATGGAATTT GCGAAACGAT ATATAGTATT TCCTTTGTAG AAATTTACA	6540
	TATATCATTC AAATTACTAA TTTGTTAAAA TCAACAGTAA GATTAGAAGT AGATGATATT	6600
40	GAAATTTGGC AAACAATTATA ATCTATATAA AACTACAACG AAACACAGAA AGGAAGTTGT	6660
	CAGATGAAAA TAGCAACTCT GAACAAAGGC AAAGAAACAA AATATTTTAA TGGATATCCT	6720
	TTAATTGAAG AAGAGGATAT CTATTCACAA GATCATTTAA AAGAAGGAGA TATTTTCAA	6780
45	ATTGTGACTG ATAAATCACA ATAT	6804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 366:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1717 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

ATTTTGTTAC GCCTGTCTTA TCTAAAGCTT TTAATAAAG GTAAGATAGG ACGCCGGCGA 3600  
 CTAAGTGCACC ACTAATTAAT CTAAATACGA TGAATAATGT TAAGTTCCAA CCTGCAACTT 3660  
 5 CATTAAATA ACCATAGAAA TAATCTATCG GGAAAGCCGC GATTGCTGTA CAAAAACCTG 3720  
 CTAACATAGC TACCATAACT GAACGTGATT GATATTTAAA AATTGCAAAG ACAAGTTCAC 3780  
 ACGCTAAACC TTGTATAAAA GCGTAAACGA TTGTCGGAAT ATCGAAACGA CCCATAATGA 3840  
 10 TAGTTTCGCC GGCACCTGCA GCAAATTCAG CCAGTAAAGC AATACCTGGT TTTGGAATAA 3900  
 TTAGATAGCA GACAATCGCT GCCATGAACC AAACCCCGTT TGTTAATTGT TCGAGGTGAA 3960  
 GGCCTGTAGC TTGCACACCA TTGTAAACAA ACCACCATAA ATTGTAAATA ACTGCGAATA 4020  
 15 CTAAGTAAAT AAGTACGGTT ACTAGTATTT CAGATAGCTT TAAACCTTTT GACATTTTTTA 4080  
 CATCCTCCTA ATAAAAAAC GCACAACCAT CCATAGGAAA GTTATGCGTT CACAATATAT 4140  
 20 ATTAGTAAAA CATATGTATA GTAACACTTT CCTACGCTAG TTCAAGCTAG ATCAGGTTCA 4200  
 AAGGGTTTGA GGGCAAGCCT CATCTCAGTA TAAACACCC CTAGTGTGTG CGATTTATTT 4260  
 AATTAATTAT ACTGTAAGAC GTTTGTAAAC TTATGTCAAT AGGTTGTCTT CATGAAATTT 4320  
 25 CGTTTAATTC GATTTAAAT TTATAATATT AGCATTGGAT TTAAATTGAA GATGTAGTAG 4380  
 GAATGTTAGT AATTAAAGAT ATAAAAATAT GTGACATGTA ATAATATTGA GCTGATAAAT 4440  
 GAAGAGGGAT ACTTATCAAT CATACCTCTT TAACAACAGT GAAGAACCCG TGCATAATGG 4500  
 30 CTTACGAATT ATAGTTTATA AGGAAGAAGA GGGATACATG CGCCGAGCAC ATGCATAAAA 4560  
 GCCCCTAACA ACTAAAAGTT GTAAGGAAGG AGAGGGATAC ATGCGCCGAG CACATGCATA 4620  
 AAATCCCCTA ACAACTAAAA GTTGTAAGGG GATTTAAATT AATTAGTGT ATCTTGGATA 4680  
 35 TCTTGTTTTG kTTGaTTAAT ATCTTCTGTT TTTTCTTCTT TTTTATCTTT TAATTTTTCT 4740  
 TCAACTTCTT TAGCTTTTTT TGCTGCTTTT TTATTTTGAT TTTCATTAGA CATGATTAAT 4800  
 TCCTCCCAA TTGGATAATT ATTTATATAT AAATCTTACC CGGTTGTACT TTCGTTAAAC 4860  
 40 TTTTCTAAGT CTATAGCACT ATTTATTCAT TTATCTAAAG ACAACAACAT TAGATTAATA 4920  
 TATAATGATT TTGAGGTGAA CATAATGTCT TTTCTTAGGA AACACGCCGA AATTATTTTT 4980  
 45 AGCTATTTAA TCGGTmWCGT TcACTCTTCA CTGGkcTCAT TATTTTAATT AACTTGCCAT 5040  
 TAATTAAACA ATTAAATGGT GGTAAAAAAG TTGATACACA TGTTCAATAT GTGTGGGAAT 5100  
 TTCTGAATGC ATTTTTCAGT GAAATTATTA AAGTAATGAG TCGATTTATA GGTAATTTCC 5160  
 50 CcATAGTTAG TGCAATTGTG ATAATTATAT TCGGTATTTT AGTTATGTTG ATTGGTCATA 5220  
 CATTACTTAG AACTATTAAG TATGACTATG ATATTTCTAT CTTTTTCTTA GTTATCGGTA 5280

55

	ATGAAATAGC AATGGTTCTT AATGATACAT GTAAACCACG AACTAAACTT TCTGTTGTAA	1800
	TATGGATAAA TCCGAATTTT AAAATTGTAT GGCTACCATT CCCGTATAAA ATCATGAACA	1860
5	GGGAAGAGAG TAATGCAAAG CCAATACTTA TAGTTATAAA AATTGCTGTA ATTTTAAACT	1920
	GAGTACCATT AAACATCAAT AAGAAAATA ACATTAAGAT AGTGATATAA AGCATAAAAT	1980
	CGAAATTATG CACAAATATA ATAAAGAAAA ATAGTATAAT TCCAAGAAAT AGTTTCGTTA	2040
10	TAATGTTGAC ATCATCAACA AATGATTGCC GAACTTTCCA TTGCTCATAC ATTTCGTATCA	2100
	CCATCACAAT CTAGTAACGC ACCATCTGAA ATTTTAAAGTC TTCTTGATGG ATAACGTTCA	2160
	ATTATTTTCAT CGTCATGTGT AaCCATGACA ATACTTTGTC CCAAATTAAT TCGCTTTTGG	2220
15	AAAAGTTTGA TCAACTGGAA TGTATTATGG CTATCAAGTC CAAATGTCGG TTCATCTAAA	2280
	AAGATAATAT CAGCTTTAGA ACTTAGTGCG GTAGcTACGC TAAGGCGTCG TTTTGTACCA	2340
20	ATAGACAACCT CATAAGGATG TTGATCTTTT ACATTTTGTA AATCTAAAAG TTTTAAAGT	2400
	TGTATCGTTT CATCATCACT TTGATCTTTA GAAAGGTGAT TAAAATGAAT GTTAATTTCA	2460
	TCATAAACCG AATTGTATTAT AAATTGTAAT TCTGGGTTTT GATAAACTAG GTACATGTGT	2520
25	TTTGCTGCAT GTTTAATTTT TGTTAAACGC TGATTTTCAA AATAAACATC ACCTTGATAT	2580
	TTAATCAATT GCATAATTGA TTCAAGCAAG GTTGTTTTAC CACTACCATT TGCCCCGTGA	2640
	ATTGTAATCC ACTCACCTAG ACCAATTTCT AAATCTGAGA ATGAGAGCAA TGTGTATTTA	2700
30	CCGCGAATAA TACGTCCATT TTTAAATTGT AATAAGTGTG AGTTTGTTGT TGGAAAGTCA	2760
	ACACGACTTG GTGCGAATTC CCATGCACGT GGATGCCACA CACCATATTC ACTGAGTAAA	2820
	TGAACATACT TCTGTAATAT GATTTCAAGG CATTTCATCGG CAATGATATT TCCGTTATAA	2880
35	TCCATCAAAA TGACGCGGTC GACATGATTC CAGATGTGTT TAACTTTATG TTCAACGATT	2940
	ACAACCGTTT GATCTTCCCA AAGTTCAATT AGTTTAGTCC ATAAATCTTC TGTTGCTTGA	3000
40	ACATCTAACA TTGCTGTGCG TTCATCTAAA AACAATGTTT TTGATTGTTG AAGAATGGTT	3060
	TCAACAATTG CCAATTTCTG TTTTCATCCG CCACTTAAAT CTTTGATATA CGTTTCAGGG	3120
	GTAACATTTA AATTGACCAT ATTTAAAGCA TTGATAATTA ACGCATCCAT GTCTTCACGT	3180
45	GGTAATTGTC TATTTTCTAA AACGAATGCA AGTTCTTCGT ATACTTTTGG CATAAAAAC	3240
	TGGCTATCAG GGTCTTGGA AATAACGCCA CTTAATGGGT CAACGATTAG TTCATCATAT	3300
	TTCATAGGTA ATTCAATTAA ATTAGGAACA ATACCACTTA ATACATTCAG AAGTGTAATT	3360
50	TTACCGCAAC CAGAAGGACC GAGTAAAAGT ACTTTTTCTT TGTCTTGAAT AGTGATATTT	3420
	AAATGATCGA AAATTTTACG TTGACCACTT GGATATTTTA ATCGTAAATC ACTTACTTTT	3480

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 365:

	TGATGGATTA GCAGACATTT TACGAGCGAA TGGTTTCAAA GTGTTTGGTC CAAATAAGCA	60
5	AGCAGCTCAA ATCGAAGGCT CAAAATTATT TGCTAAAAAG ATAATGGAAA AATATAATAT	120
	TCCAAC TGCT GATTATAAAG AAGTTGAGCG AAAAAAGGAT GCTTTAACAT ATATTGAAAA	180
	CTGTGAATTG CCCGTTGTTG TCAAGAAAGA TGGGTTAGCT GCTGGGAAAG GCGTTATTAT	240
10	TGCAGATACT ATTGAAGCAG CCAGAAGTGC TATTGAGATT ATGTATGGTG ATGAAGAAGA	300
	AGGTACTGTT GTATTTGAAA CGTTTTTAGA AGGTGAAGAG TTCTCGCTAA TGACATTTGT	360
	TAATGGTGAT TTAGCAGTAC CTTTCGACTG TATTGCACAA GATCATAAAC GCGCATTTGA	420
15	TCATGATGAA GGACCAAATA CTGGTGGTAT GGGGGCTTAT TGTCCmgTAC CACATATTAG	480
	TGACGATGTT TTAAmACTTA CAAATGAAAC AATTGCACAw CCCATTGCAA AGGCAATGCT	540
20	TAATGAAGGT TATCAATTCT TCGGTGTATT ATACATTGGT GCTATTTTAA CTAAAGATGG	600
	TCCAAAAGTA ATAGAATTTA ATGCCCGTTT TGGTGATCCT GAAGCTCAAG TATTATTAAG	660
	TCGCATGGAA AGTGATTTAA TGCAGCATAT TATTGATTTA GATGAAGGAA AACGTACTGA	720
25	ATTCAAATGG AAAAATGAAT CTATTGTAGG GGTCATGTTG GCATCAAAAG GATATCCTGA	780
	TGCATATGAA AAAGGGCATA AAGTAAGTGG CTTTGATTTA AATGAAAAC TTTTGTAG	840
	TGGATTAAAG AAGCAAGGTG ATACCTTTGT TACTTcAGGT GGTAGAGTTA TACTTGCCAT	900
30	CGGAAAAGGT GACAATGTAC AAGATGCACA GCGAGACGCA TACAAAAAAG TATCACAAAT	960
	ACAAAGTGAC CATTTATTCT ATCGTCATGA CATTGCGAAT AAAGCACTAC AACTTAAATA	1020
	AGTAAATTTA AAATACTAAG aTTAGCTATG AACGAATCTA TAACGATAGA TTTTTCATA	1080
35	GCTTTTTTTAG TTGTAGAGTC TAGGACATTG ATTTCTGTAC CAAATTTGTG ATTATGCATA	1140
	TGTAATACAA AAGAGGCGCC ACAACATGTT TGGATGAACA AAATAACATG TTTGTGGCAC	1200
40	CTCTTTTGTG TAGTATGGAA TAAATGGTTT TCTTTTCTA TACAATGAAT TTCTAATTTA	1260
	GTATCTATAC AATTATGGAT AAAATTTAAC CTACACGACC AAGACGAACA TCATCTATGC	1320
	CCGTGATGGG TAAGGTGATT GAACAATAAT ATGCCATAGT AATAATGGCA ATTAAACTA	1380
45	TAATAAAGAT TATATCTTTA TATGAGAAAG GTACGTTGTA ATAGTAAGTA CGAGGACCAT	1440
	CTCTAAATCC TTTCGACTCC ATCGCAACTG ATAATTGATG TGCCTTTCTA ATATTTTGGC	1500
	TTAATAGAGG TATAATTTAA TGCTTAAATC GCTTTAACCC TCTATAATTT GCCGCGTCTA	1560
50	TCATCTGATA GCGCATTTTT AAAGATCTGC GAAgcTGTA TAAAGAACTA ATCATTAAAG	1620
	GTATCATACG AATGGCAGCC ATGAATGCAT AAGCAACTTT TGATTTAACC TTTAAATGTT	1680

	AAAAAGAGCA CAACAATTTG TGGTACAAAG ACTAATACTG ATCCTACACC AGCAATAATG	9420
	CCATCTGTAA TTAAATCTTG TAAAAATGGT ATAACACCAA GATAATTCAT AATCGTCTTC	9480
5	ACACTATCTG TAAATGTACC ACCTATAAAT GCATCGAGTT GATCCGACAA AGGTGTGCCA	9540
	ATCCATGTAA ATGTAGTTTG AAAGATCAAC CACATAATTG CTAGAAAGAT AGGCATCCCT	9600
	ATATATTTAT GTGTTAATAT CTTGTCTATT CTAGAGCTGA AATATTGCTT ATCTTCATCT	9660
10	GGATACGTTA CCACGTCTTG CAATAACGTC TCAATATAAT GATTGCGTAT ACGCTCCATC	9720
	TCTCGACGAA CAGATACAGC CCCTACTTGT TCAGCAACTT GATCACGTAA ACTCGACAAT	9780
	TTATTTACAA CCTCTGAATT AAGTTCGTTT GCAATTTGCA TGTTATTTAA TAAGAATTGA	9840
15	ATCGCAATAA ACCTAGCTTG ATACTTATCA TGAGATGTCT CTGTCATTAT TATTTGACAC	9900
	ATATTTTTAA TTGTCTCTTC AATCTTCTCA CCATAATTGA TTTTAAAATG CGGTTGATAC	9960
20	CCTTCCCCTA GATGCTTTAT TTCGCCAAGT AAATATTTTG TTCCTTTGCC TGTACGTGCC	10020
	ACAACTGGAA AAATAGGTGT TTTAACTTTT TTCATCAATT TATGATAATC GATTTTTATC	10080
	CCGCGCTTTG TAGCTACATC AATCATATTT AATCCGATGT ATATTGGTTG ATTAAGTTCT	10140
25	AACAATTGTA CTGTTAATTG CATATTTCTT TTTAGTTGAC TCGCATCAAC AATGTTAATG	10200
	ATTCCTGAAA ATGAATCGTT TAATAAATAG TCTGTCACTA CAGTTTCATC TTTAGAAATC	10260
	GGCGATAAAT CATATGTACC TGGTAAATCA ATTAATTGTC CTACATTTTC TTTAAGTTTC	10320
30	CCTACTTTTT TCTCTACCGT TACGCCACTC CAGTTGCCTA TATATTCATA CGAACCAGTT	10380
	AAAGCGTTAA ACAAAGATGT TTTACCAACA TTAGGATTTT CTAAAATACA ATAATTTTCC	10440
35	ATTCGTCCGG CTCCTATTCT TCTAATGCAA TAGAACAAGC ATCGCAATGT CTAATACTTA	10500
	ACTGTTGTCC GTTTACTTCA ATAATACATG GCCCTTTAAA TAAACATTTT TGTTTAATCG	10560
	TTATGATAGC GTCATCTGTT AACCCAAAGG CACTTAGACG ATACAACATA TTCTCATTAG	10620
40	CAATATCCAT TCGCTTTATT TTATAAGCCT TATTCATTTT ACCATTTTTA ATGTTTAACA	10680
	TACTATTTTCG CTCTCCTATT AGAAATAATA ATCATTATCA CTTAAAAATC ATAACCCCTA	10740
	AAATTGTAGC TCGCAATACT TTATTTAAAT AATTTTCATT TTTTCATGTAA AATTTGTGAC	10800
45	ATTGCAAAAA TGT	10813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 365:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6804 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

	GACACAACAG CTGTTTCAAA AATGATTGGT ACAACTGCTG GTTATGTTGG TTATGATGAC	7620
	AATTCAAATA CGTTAACTGA AAAAGTACGC CGTAATCCAT ACTCAGTCAT TCTATTTGAT	7680
5	GAAATCGAAA AAGCAAATCC ACAAATTTTA ACATTGTTAT TACAAGTAAT GGATGATGGT	7740
	AATTTGACTG ATGGTCAAGG TAATGTCATC AACTTTAAAA ATACAATTAT TATTTGTACA	7800
10	TCAAATGCTG GCTTTGGCAA TGGCAATGAC GCTGAAGAAA AAGATATTAT GCACGAAATG	7860
	AAAAAATTCT TCCGCCCTGA ATTCCTTAAC CGCTTCAACG GCATCGTTGA ATTCTTACAT	7920
	TTAGATAAAG ATGCATTGCA AGATATCGTC AACTTATTAT TAGACGATGT ACAAGTTACA	7980
15	TTAGACAAAA AAGGTATTAC GATGGACGTT TCTCAAGATG CGAAAGATTG GTTAATTGAA	8040
	GAAGGCTATG ATGAAGAATT AGGTGCACGT CCATTAAAGAC GTATTGTTGA ACAGCAAGTA	8100
	CGTGACAAAA TTACAGATTA CTATTTAGAT CATAACAGACG TTAAACATGT GGATATAGAT	8160
20	GTTGAGGATA ACGAATTAGT CGTAAAAGGT AAATAACGAC ACTTTAACAT ATCGCGCATC	8220
	AAAAATGAGC ATCAGGTGCG CCTTGCCTGT GCTCATTTTT TTAATTATTT CCCTGGAAAA	8280
	TGATTGCTG TGTGCTGTTT TGTTCACAA CAATCACGAT TAATGTCACA TGTACCACAT	8340
25	TTTCCTTGTT TTGAACGCTT GAAAAATTTT ACTAGTGTAT ATAAGGCATA TCCGAAAATT	8400
	GCTAAAAAAA TTAAAATGTT AATAATGACT GACACTTTAA CCACTCCTTA AACAAATAAA	8460
	TGTCCGACTT GATAAAAAAT GAATGTTAAG ACATATGCAG TGAAGTAGAGG ATAGGCAACT	8520
30	GCAAGTGCCG TCCATTTCCA TGAATAAGTC TCTTTACGGA TTGCTGCTAC TGTAGAAACA	8580
	CAAGGAATAT ACAATAGTAT AAATATCATA AATGCATACG CAGATAGCGG TGTGAATTGA	8640
35	TTTTGAATCA CATTAAACAAG GCCTGCATCA CCTGATGAAT AGATAATCGC CATCGAACTT	8700
	ACGATAACTT CTTTTGCTAA AAATCCTGGC ACTAACGTAG CACCTGCTTG CCATGTTCCA	8760
	AATCCGAGCG GTTGCACTAA CATAACAAAG AACTACCAA CCATATGTAA AAAACTTTGA	8820
40	TTGATATTCA CATTGATACC ATGTGGTCTT ACATACTTA ATAGCCAAAT GACTACTGAG	8880
	CGCCAAAAAA TAAATGTACC TGCTTTACGA ACAAAGCCCT TAGCCTTTTC CCAAGTACTA	8940
	CGCCACAACG TTTTAATGGA AGGCACACGG TATGTTGGCA ATTCCACAAT AAAGATTGCA	9000
45	TTATCATTTT TTAAAATCGT CTTAGTAAGT ACTGTACTGA CTAAAAATGC CATAATAATA	9060
	CCTAAAACAT ACAGGCTTAA TACTACTAAA GATTGATTCT CTTTGAAAAA GATACCTACG	9120
	AACAACGCAT AACTGGCAG TCTAGCAGAG CATGACATGA ATGGTGCAAT TAATATCGTT	9180
50	GTAAACGCT CTTTTTCATT TTCAATACTG CGCGCAGCCA TAATACTCGG TACATTACAA	9240
	CCAAATCCGA TAATCATTGG TATAAAAGAC TTCCCGCTTA AACCGAACGA TTCCATAATA	9300

	ATAAGTCGTC AATTACGTAT ATAAACACGT AATACCAGCT ATCACTTTGC TGCAATATAC	5820
5	AGTTACATAT CTTACTACAC GTGCTAACCT CTTACTTTGT AAACCAAATC TTAAATTAAA	5880
	ATATTGAAAA TGCAATGAAT CCTTAATATT TTATTAAACC TATAATTACT TATTAAAAAT	5940
	AACACACAAT ATTCATAAAG TTTTAAAAAT ATTCTGTTTT ATCACCTACT ATTAGTGGA	6000
10	AAGTACAATT GCAATTGTAT ATAGTTTGCA TAACGCTTCA AAAGTAATTT CTTTTTTGTT	6060
	TAGTTCAAAA AAATTTAGAG GTGATGTTAT ATGAATAACG GTTTTTTCAA TAGCGACTTT	6120
	GATTCAATTT TTCGAAGAAT GATGAAAGAT ATGCAAGGTT CAAATCAAGT CGGAAACAAA	6180
15	AAGTACTATA TTAATGGTAA AGAAGTTTCA CCTGAAGAAC TAGCGCAACT CACACAACAA	6240
	GGTGGCAATC ACTCTGCTGA ACAAAGTGCG CAAGcTTTTT AACAAGCAGC ACAAAGACAA	6300
	CAAGGGCAAC AAGGTGGCAA CGGCAATTAT TTAGAACAAA TTGGTCGTAA CCTTACGCAA	6360
20	GAAGCACGTG ACGGTTTATT AGATCCAGTC ATTGGTCGTG ATAAAGAAAT TCAAGAACT	6420
	GCTGAAGTTT TAAGTAGACG AACTAAAAAC AATCCTATAT TAGTTGGAGA AGCTGGTGTT	6480
	GGTAAACTG CGATTGTTGA AGGTTTAGCA CAGGCAATCG TTGAAGGAAA TGTACCAGCA	6540
25	GCAATCAAAG ACAAAGAAAT TATTTCTGTA GACATTTTCA CATTAGAAGC TGAACGCAA	6600
	TATCGTGGTG CTTTTGAAGA AAATATTCAA AAATTAATCG AAGGTGTTAA ATCTTCACAA	6660
	AATGCCGTAC TATTTCTTGA TGAAATCCAT CAAATTATCG GTTCAGGTGC CACAGGAAGT	6720
30	GATTCAGGTA GCAAAGGGTT ATCTGATATT TTGAAACCTG CATTAGTGC TGGTGAGATT	6780
	TCTATTATTG GTGCAACAAC ACAAGATGAA TATCGAAACA ATATTCTTAA AGATGCTGCA	6840
35	TTAACGCGCA GATTTAATGA AGTGCTTGTT AATGAACCAA GCGCTAAAGA TACTGTTGAA	6900
	ATTTTAAAAG GTATTCGCGA AAAATTTCGAA GAACACCATC AAGTAAAATT ACCAGATGAC	6960
	GTATTAAAAG CATGTGTTGA CTTATCAATT CAATATATTC CACAACGATT ATTACCAGAT	7020
40	AAAGCAATCG ATGTGTTAGA TATTACAGCA GCACATTTAT CTGCGCAAAG TCCAGCTGTC	7080
	GATAAAGTTG AAAGTAAAA ACGAATTTCT GAATTAGAAA ATGATAAACG TAAAGCAGTA	7140
	AGTGCTGAAG AATATAAAAA AGCTGACGAC ATTCAAATG AAATCAAATC ATTACAAGAT	7200
45	AAATTAGAAA ATAGTAATGG TGAACATACT GCTGTTGCTA CAGTTCATGA TATTTAGAT	7260
	ACTATTCAAC GATTAAGTGG TATTCCAGTT TCTCAAATGG ATGATAACGA TATTGAACGT	7320
	TTAAAAATA TTTCTAATCG TTAAAGAAAGT AAAATCATAG GTCAAGATCA AGCTGTAGAA	7380
50	ATGGTTTCAC GTGCAATTCG CCGTAATCGT GCTGGGTTTG ATGACGGCAA CCGTCCAATT	7440
	GGCAGTTTCC TATTTGTTGG CCCTACTGGT GTTGGTAAAA CAGAGCTTGC TAAACAATTA	7500

55

CTGTAAACCA AGACATCGTT TCAATGGGCG CTAACGCTGC TAAGGACATT ATAACAGACG 4020  
 AAGACAAAAA GAAAATTGGT ATGGTAATTG TGGCAACTGA ATCAGCAGTT GATGCTGCTA 4080  
 5 AAGCAGCCGC TGTTCAAAAT CACAACCTAT TAGGTATTCA ACCTTTTGCA CGCTGCTTTG 4140  
 AAATGAAAGA AGCTTGTTAT GCTGCAACAC CAGCAATTCA ATTAGCTAAA GATTATTTAG 4200  
 10 CAACTAGACC GAATGAAAAA GTATTAGTTA TTGCTACAGA TACAGCACGT TATGGATTGA 4260  
 ATTCAAGCGG CGAGCCAACA CAAGGTGCTG GCGCAGTTGC GATGGTTATT GCACATAATC 4320  
 CAAGCATTTT GGCATTAAAT GAAGATGCTG TTGCTTACAC TGAAGACGTT TATGATTCTT 4380  
 15 GGCGTCCAAC TGGACATAAA TATCCATTAG TTGATGGTGC ATTATCTAAA GATGCTTATA 4440  
 TCCGCTCATT CCAACAAAGC TGAATGAAT ACGCAAAACG TCAAGGTAAG TCGCTAGCTG 4500  
 ACTTCGCATC TCTATGCTTC CATGTTCCAT TTACAAAAAT GGGTAAAAAG GCATTAGAGT 4560  
 20 CAATCATTGA TAACGCTGAT GAAACAACTC AAGAGCGTTT ACGTTCAGGA TATGAAGATG 4620  
 CTGTAGATTA TAACCGTTAT GTCGGTAATA TTTATACTGG ATCATTATAT TTAAGCCTAA 4680  
 TATCATTACT TGAAAATCGA GATTTACAAG CTGGTGAAAC AATCGGTTTA TTCAGTTATG 4740  
 25 GCTCAGGTTC AGTTGGTGAA TTTTATAGTG CGACATTAGT TGAAGGCTAC AAAGATCATT 4800  
 TAGATCAAGC TGCACATAAA GCATTATTAA ATAACCGTAC TGAAGTATCT GTTGATGCAT 4860  
 ATGAAACATT CTTCAAACGT TTTGATGACG TTGAATTTGA CGAAGAACAA GATGCTGTTC 4920  
 30 ATGAAGATCG TCATATTTTC TACTTATCAA ATATTGAAAA TAACGTTCGT GAATATCACA 4980  
 GACCAGAGTA GTCGGTGTAT TTAAAACACA TATAATAAAA CCTAAAAGCA GCAGTAAGAC 5040  
 CACTTCTAAT TGAAATCGTC TTAGTGCTGT TCTCTATTTA TAACACTTCG TATTGAATGA 5100  
 35 ATTCATTATG CCTATTTGAC ACATTATTGA AGTTTTCCTA ATGCCTGGAT CCTTTATACG 5160  
 TTACGGCTTC GTGCTATGTT TTGGTACATA AAGCTTTGAC ATATCGATAT TCTCCAACCTC 5220  
 40 TAACAGCTTA ATTTTATTAT TAATCGTTCC ACCGAACCCT GTTAAGCTAC CCGTTTTTACC 5280  
 GACAACACGA TGACATGGCA CGATAATAGA TAATGGATTA CTTCCGACTG CACCTCCAAC 5340  
 CGCTTGGGCT GACATTTTTG GCTTGTTAAG CAGCTTGCCT ACTTTTTTGG CAATAGCACC 5400  
 45 ATACGTTGTT AGAGTCCCAT AAGGAACCTG TCTTAATTCA TTCCAAACAC ACTGTTGAAA 5460  
 ATGACTACCT GTTGGCTTTA AAGGTATTGT GATTTCAGGA TTGTCACCTT TAAAATACGC 5520  
 GTCTAACCAC TGTGTCGCCT CTCTAAATAT CGCTAAAGAC GTATTTTCTT CCCTAGTACC 5580  
 50 ATCACCTTGT TGATTTTCAA ACAAACAGC GGTCAGACTT ACCCCATCAC TCAAAAGTTC 5640  
 CAATCGTCCT ACAGGCGAAT CATAGTAACT CTTATACTCC ATAAAAATTC CCCCTTTTTC 5700



	AAAACTTCTA TCACGAACGC TTCAATTTCC TGTATGCGTG TGATAGAAGT TTTTATTTTT	2220
5	GTTTCATATTA ATTTATCTAA GCGCTACGAT GGAaCTGACTT AAACCTTTTCT TAAAAATCGC	2280
	TATTCGCCAT TTAaCTATTGT TGTCTAATTT CTTGTAAAAT ATGTTCCGCT GCTTGTGTAT	2340
	TTGCACGGGG TTCTTTTTTC AAAGCTTCAG CTACTTTAGC AATTTTCATCA CCTTTTGCCC	2400
10	CTACAACGAT AGCTAATGAT TTATATTGTA AACTCATATG ACCTTGTTGA ATACCTTCTG	2460
	ACACAAGCGC GCGACATGCT GCAAAGTTTT GCGCTAAACC AACGGCAGCA ACTACATGAC	2520
	CTAATTCTTG TGCTGACTCT ACATTTAGTA GCTCTAATGA AGCTTTAGCA ATTGGTAATA	2580
15	CTTTTGTTACC ACCGCCAACG ATTGCCAATG TCATAGGCAC TTCAATTGTA CCAATCAATC	2640
	GTTGACGATC TTGATCGTAA CGCCATGTAG CAATACCACG ATACTGTCCG TCACGACTCG	2700
	CGTATGCATG CGCACTTGCT TCTGCACCAC GCGTATCATT TCCTGTTGCT AAAACAACAG	2760
20	CATGTATGCC ATTcATAACA CCTTTATTAT GTGTTGCTGC ACGATGAATA TCTACTTGGG	2820
	CCAATACAGA AGCACGTTCC ATTCGTTTGG CAACCTCTTC TCCAGTTCTC TCGCCCCCTG	2880
	CTAAATCTTT AACATCAATT TCGCCTTGAA CTTTAACAAC GGACGCTGTT GCATGATTGG	2940
25	ATAAAATACT CATTAAAATG TCGCTTTGCG GAAATTCATT TTTTAAAAAT GCAGTTATGG	3000
	CCTCTAAAAT CGTATTAAAG ATATTAGCGC CCATAGCATC TTTCGTATCA ACAAATACTT	3060
30	TTAAAGATAG TAACTGTTGC TCAGGAAATG TATCAATCGC TATACGTTGG TAACCACCAC	3120
	CACGCGCTTT AATAGAAGGA TATGCCTCAT CCGCAATTTT ATGAATTTGC TTTTCTAAAG	3180
	CTTTAATGTC TGCTGATAAT TTTTCAGTAT CGTCAACGCC ATCAAAGACG ATTTGACCTA	3240
35	TCATAATACG TTCAGAAGAT ACCGTTTTAA ATCCGCCAGT CTGATTCACT AGCTTTGCAC	3300
	CATAACTAGC TGCAGCGACA ACTGAAGGCT CTTCCACCAT CATAGGTACA ACATATGCCT	3360
	TATCGTCCAC AATGATATTC GGTAAATAATC CAACGGGTAA TGCACCTTGC GCGATGACAT	3420
40	TTTCAATTAA ACTATTGGCT ACTTCTTCAT CGATTAATGG ATGATTCAGT AAAATGTCGA	3480
	ATTGTTCTTC TGATAACCAT TGCTTATCAA CCAATTGTTG TAACTTTTCT TTACGAGATA	3540
	AATGTcGAAA ATTCTTATCT AAATTTTGCA TGGACGTACT CCTTTTACTT CACATAATTT	3600
45	TTAACATTTC AATCACTACT ATTTTACCA CAAAATAACG TCATTCGTCT TAAAATTCAA	3660
	TTGAATAATT GTCGTTTTGA CTTTAAAATA AAACAAGGTA AATTAAAACG CTTACAAGAA	3720
50	ACGACAAATc ATTTTAAAT TTAGTATATT TCTTTGTATA AAATTAGCAT ATTCTGATAT	3780
	GATACAAGTG TTGCTTTTAT AAATTTGAAA GGATGTAAAA CCTTATGACA ATAGGTATCG	3840
	ATAAAATAAA CTTTACGTT CCAAAGTACT ATGTAGACAT GGCTAAATTA GCAGAAGCAC	3900

CAATCGCATG CCGCAGTTAA TTATTATAGT AAAAACCAAT GTACATGGTG GGCATTTAAA 420  
 CGTCGCGCAC AAGTCGGTAA ACCTGTTTCT AATAGATGGG GCAATGCTAA AAATTGGTAT 480  
 5 TACAATGCAC GTAAATCAAA ATATGCGACT GGTTCGTACAC CAAGAAAATT TGCTGTCATG 540  
 CAATCAACTG CAGGATATTA TGGACATGTC GCAGTTGTTG AACAAAGTATA TAAAAACGGT 600  
 AGTATTAAAG TTTCAGAATA CAACTTTTAT CGCCCATTA AATACAATAC ACGTGTACTA 660  
 10 AGCAAAAAGG CAGCACGTAA CTTTAACTAT ATTTACTAAT CAAAAAACTT CTATCACGAA 720  
 CGCTTCAATT TCCTGTATGC GTGTGATAGA AGTTTTTATT TTATGAAATT ATATTATTAC 780  
 TTCTACAAAT TTCAAATTGC CGTAATTGAA CGTATATTTT TTCTTCAACT ATTATTTTCAT 840  
 15 CTTTAGCATA ATCTATATAT AAAATTTTAT GCTATTATTT AAATAATTCTG CTATAACTTA 900  
 ACATACGTTT TCGATATAAA CCTTGTCTA AATCTCAATA ATTTTTTGCT GTTTTCATCG 960  
 20 TCATTAGTTA AAAAAATAAT TTAAGTGGT TTTTGAGACC TGTTTAAATT GATGACTCAA 1020  
 AACCTTTATC CCTTTTTCAC TCGGTTTAAT TGCTTTAATA TTTAACACAG TCTCATTGTA 1080  
 ATTTTGCTAC TAAGTTTGAA ATATTTCGAT TCGAATGTGA ACATCATTTA TTATTACTTT 1140  
 25 CGACAGCTAG AAAAATATTG TTAAACCAAA ACTATAATTA CCACCTTTTAT ATAGAACTAT 1200  
 ATATAAATTT TAACCTTGAG ACAGAACTGC TAGTCAGGTT TATGAATATA TTTCTTTAGT 1260  
 TTAAGTGA TAAGTATTGG TAAATCATT TTTATTGAA GAGCATTTAT AACAAAAAGT 1320  
 30 ATAATCCCAG TTATAGCGAT TCCATGACCA TTTTATCAG TCAAAGATTC ATCAACAAAA 1380  
 ACTTTTTGAT AAATTTATAT ATTTGTATAA TTTATTATGG TAGATATCTA CACCCGTATC 1440  
 TATAACAGCT ACAGTTATCA TTGCGTCTTA TCCAAATAGT TTTTAAGAAA TAAATATAAT 1500  
 35 TCATTAATAT CATGGCTATT TGTAACGTCA GtGCTTaAGA CCTTGTCAAT TATTGTTTTA 1560  
 TCTGTTTCTA AGAGCCCCTG ATTTTCTGCA TACATATTTT GTATATCGCT GTTAATCTCA 1620  
 40 TTTAATTTTT TAAATTTTTT TCTAACCTTT TTCAAATAA AATGCTCTTT AATTCCATCT 1680  
 CTTAAATACA TATAAATCTC TATTATAATC TCCATAAATG TCATATCTCC TCTCTCAAAA 1740  
 AACATTATAC TCAATATATT AAAAATAAGA AAGGTTTTTT CAGAATTTTT AGTATTTTCA 1800  
 45 GATATTTATT CTAAAGTATC TTATTATTAC TTCTTTTTTA CGCTAGTGGa ATAATTAATA 1860  
 ATAATTGTAT TTAAATGCAA TGCTGTTGTT CTTTCATACT TACAAGCAAG TCATAAGAAA 1920  
 TGAGAAATTA AATTCTTATA TGATGAATAA ATGATGACTG CAGAAGAAAT TGCTAAAAAA 1980  
 50 GGAGTGGAGT GAGGCATTCT ACTGTTTATA TTGTTAACAA ATATCAAAAT GATAGGAACT 2040  
 TGAAGAATCT AAGACTGTTA AAATCGAGAC AAGAAGAAAC TCGTTCCAAA TTTGAATCCT 2100

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 363:

	ATCAAAATAT TTTAAATAAT ATTGATGGTC ACATTGTAAA TTTAAATAGAA AATAAATTTG	60
10	ATCAAAATATT ACAAGAACCA TTAAATCCAT TAAATTATGA TACTGTCAGT GGATTAGCTG	120
	GGATAGGGAG ATATTTGCTA AATAGAGTAG ATGAGAATGA ATTTAATGTT AAAGCATTAA	180
	AAAGCATATT AGTATACTTT AAAGATATTC AATATTCTAA AAATAGCTGG GTAGTCCCAC	240
15	AAGATAGTCA ATTTTGTAGAG TCTGATAAAA ATTATTTTAC TGAAGGTAAT ATCAATCTTG	300
	GCCTTGACCA TGGaGTGCTA GGACCGATGT CTTTATTTGC ATTATGCGTG ATTAAAGGAA	360
20	TTACGATTGA AAATCATCAG CACATATTAA AAGACATGTA CAAATTTATC ATGGACGAAA	420
	AATTTTGTAA CCACGAAAGA TGGTTGCAGC GTTACGATTT AATTTCTGAA CGTAATCATT	480
	TCAATTTTAT TCGGAATGGT TGGTGTATG GCAATACGGG TGTAAAGACG ACGTTGTTTT	540
25	TAATCGGCCA AGCATTACAA GATGATGAAA TAATTAAAAT GTCTAAAAAA GTGATGCTAC	600
	AAGTAGTAAA TGATAAAGAT GAAAATTTAA TAAGTCCAAC TATTTGTCAT GGATTGTCAT	660
	CACAAATATT AATGTTAACA ATTATGAATT TGAATTTTGA ATTAAATGAA GTGTCTGATT	720
30	ATATCACTGT ATTAATAAAT AAAGTGAATT CTCATTATAA GGAAGATTAT CTGGTGAATT	780
	TTATAGACAT TAATGAAAAT AAGCAAGATG TATTTAAAAG TAGGAAAGTT GGCCTTTTAG	840
	AAGGTGAATT AGGGGTCATC TAACATT	867

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 364:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 10813 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

40

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 364:

	TACCTTTTCT TtTAAATCAT TTTATATTTT CCCaCTAATA TCCGcTGtTA ATCaATCctG	60
	ACATCctTGT ATCaCTATGA CAATTAATTG TTAAATACAT GAATTTCTAC ATTTTATGAA	120
50	AAAATCCATT TTTATTACAA TTCAACACTT TATATGACAA CTTCAATTACA GTTACTTTTA	180
	TTGTTGATTG CTTACATTGT TTTCTAAAAA AAATTTGTGA TCATAATTAA CGTTGAATAA	240
55	AGAAAAAAAT TAACTTGGA GATAAAAATG GAATATAAAA AGATACTAAT TCGTTTATTA	300

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 362:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1216 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 362:

TACATGTTTC	GGATGCTACT	TTATTTAGTT	TGAAGGGTGC	ATTATGGACG	TTAGCGCAAG	60
AAGTTTATCA	AGAATGGTAT	TTAGGATCGA	AGTTGTATGA	AGATGTTGAA	AAGAAAATAG	120
CACGAACTAC	TTTAAAGACA	GGTTATATTT	ATCAAGAAAT	TATTTTGAGA	CCAGTAGATG	180
AAGTTAAGGT	ACTTCTGAAT	GATTTAAAAG	GTGCTGGTTT	CGAATTAGGT	ATTGCAACAG	240
GTCGTCCTTA	TACTGAGACT	GTTGTGCCAT	TTGAAAATTT	AGGATTGTTA	CCATATTTTG	300
AAGCTGATTT	TATTGCAACA	GCAAGTGATG	TTTTAGAAGC	AGAGAATATG	TATCCGCAAG	360
CACGACCATT	AGGAAAGCCG	AATCCTTTTA	GTTATATCGC	AGCTTTATAT	GGTAATAATC	420
GCGATAAATA	TGAATCTTAT	ATCAATAAGC	AAGATAACAT	TGTAAATAAA	GATGACGTAT	480
TTATAGTAGG	CGATTCGTTA	GCTGACTTAT	TAAGTGCTCA	AAAAATAGGT	GCAACGTTTA	540
TTGGAACATT	AACAGGTTTA	AAAGGTAAGG	ATGCTGCAGG	TGAGTTAGAA	GCGCATCATG	600
CCGACTATGT	TATTAATCAT	TTAGGTGAAC	TTAGAGGTGT	ACTAGATAAT	TTGTAATTTG	660
ATTGTTGTTT	GACAGCATAA	CTTGTAAGTGA	ATGATTGAAC	CAAAGGTTTC	ATATTGAGTT	720
ACAATGAAAT	TAATAATGAA	AAAATGCCAA	GAAGCAATGG	AAGTAATCCA	ATGTCTTCTT	780
GGCATTTTGA	ATTTACATAA	ATTGTTTATG	ACTGTACCGT	CAATTCAGTT	GTGAAAATTT	840
GATTGTATTC	ACCAACTTGT	TTAAGTTCAT	CAATTATATT	GTTTGAAACA	GGTTGATCAA	900
CGGATAAAAT	CATTAGCGCA	TCTCCGCCCC	CTTCAGTTCT	ACCTAAAGTC	ATAGATGCAA	960
TGTTGATATT	GTATTTACCT	AACAATGCGC	CAGTTTTTCC	TACCATACCT	GGAGTATCAT	1020
TATGATATGA	CACAATTTGA	TATTGATTTG	GCTTTAAGTC	TACAGAAAAA	TTATTAATTC	1080
TAACAATTCT	TGGACCGAAA	CCTGTAAAGA	CAGAAGCGCC	AACTTTAACG	GAATCGCnAT	1140
CGnTTGATAG	TTCTACCTCT	AAGTAGTTAC	TAAACCTGT	CTCTGCTTTA	TTATTTTCAA	1200
TATTTAATGT	CACTTG					1216

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 363:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 867 base pairs

(A) LENGTH: 1507 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 361:

10	TCGTTGAGTA AAAGTCCAGA AAATTGGATG AGTAAACTTG ATGATGGAAA ACATTTAACT	60
	GAGATTAATA TACCGGGTTC ACATGATAGT GGCTCATTCA CTTTAAAGGA TCCAGTAAAA	120
	TCAGTTTGGG CAAAGACTCA AGATAAAGAT TACCTTACCC AAATGAAGTC GGGAGTCAGG	180
15	TTTTTTGATA TTAGAGGTAG AGCAAGTGCT GATAATATGA TTTCAGTTCA TCACGGCATG	240
	GTTTATTTGC ATCATGAATT AGGAAAATTT CTCGATGATG CTAAATATTA CTTGAGTGCT	300
	TATCCAAACG AAACAATTGT GATGTCTATG AAAAAGGACT ACGATAGCGA TTCTAAAGTT	360
20	ACGAAGACAT TTGAAGAAaT TTTTAGAGAA TATTATTATA ATAACCCGCA ATATCAGAAT	420
	CTTTTTcACA CAGGAAGTAA TGCGAATCCT ACTTTAAAAG AAACGAAAGG TAAAAATTGTC	480
25	CTATTCAATA GAATGGGGGG TACGTACATA AAAAGTGGTT ATGGTGCTGA CACGTCAGGT	540
	ATTCAATGGG CAGACAATGC GACATTTGAA ACGAAAATTA ATAATGGTAG CTTAAATTTA	600
	AAAGTACAAG ATGAGTATAA AGATTACTAT GATAAAAAAG TTGAAGCTGT TAAAAATTTA	660
30	TTGGCTAAAG CTAAACCGGA TAGTAACAAA GACAATGTAT ATGTGAATTT CTTGAGTGTA	720
	GCGTCTGGAG GCAGCGCATT TAATAGTACT TATAACTATG CATCACATAT AAATCCTGAA	780
	ATTGCAAAAA CGATTAAAGC AAATGGGAAA GCTAGAACGG GTTGGCTGAT TGTTGACTAT	840
35	GCAGGATATA CGTGGCCTGG ATATGATGaT ATCGTAAGTG AAATTATAGA TAGTAATAAA	900
	TAAGGATTCA ATAATGATAT TAAGACGAGT ATGAAAATAG TTAGATTCTA ATTATTTTCA	960
	CTACTCGTTT TTATTTTGAA AATAAGTAAT AATTCAACAA TATTATAAAT TGAACAGATT	1020
40	GTTTGTGAAA TTTTGTGATA TATTAAAGTG AAAAAGTGTT ATAAATTGAT AAATATATGT	1080
	AATTAACAAA AACAAATCAT TTTAAAAAGA AGAGAGTTGT AAGATGATGa AACGATTAAA	1140
45	CAAATTAGTG TTAGGCATTA TTTTCTGTT TTTAGTCATT AGTATCACTG CTGGTTGTGG	1200
	CATAGGTAAA GAAGCGGAAG TTAAGAAAAG CTTTGAAAAA ACATTGAGTA TGTACCCTAT	1260
	TAAAAATCTA GAGGATTTAT ACGATAAGGA AGGCTATCGT GATGATCAGT TTGATAAAAA	1320
50	TGATAAAGGT ACATGGATTA TAAATTCTGA AATGGTTATT CAACCTAATA ATGAAGATAT	1380
	GGTAGCTAAA GGCATGGTTC TATATATGAA TAGAAATACC AAAACAACAA ATGGTTACTA	1440
55	mTATGTCGAT GTGACTAAGG ACGAGGATGA AGGAAAACCG CACGACAATG AAAAAAGATA	1500

	GTGGATTGGA TTATTATACA CATACAGCAT TTGAATTAAT GATGGATAAC CCTAACTATG	960
	ATGGTGcCAT TACAACGCTT TGTGGTGGTG GCCGTTATAA TGGTTTATTA GAATTGCTAG	1020
5	ATGGTCCAAG TGAAACAGGT ATTGGTTTTG CGCTAAGTAT AGAACGATTA TTGCTTGCAC	1080
	TTGAAGAAGA AGGTATCGAA TTAGATATTG AAGAAAACTT AGATTTATTC ATTGTTACAA	1140
	TGGGTGATCA AGCAGATCGA TATGCTGTGA AGCTATTAAA TCATTTGAGA CATAATGGTA	1200
10	TTAAAGCAGA TAAAGACTAT TTACAGCGTA AAATTAAAGG ACAAATGAAA CAAGCAGACC	1260
	GTTTAGGTGC CAAGTTTACA ATCGTTATTG GTGATCAAGA ATTAGAAAAT AATAAAATCG	1320
	ATGTTAAAAA TATGACAACT GGTGAATCTG AAACAATTGA ATTAGACGCA TTAGTCGAAT	1380
15	ATTTTAAGAA GTAGAGAGGG CGTTAAAATA TGAGTAAGAG AACAACTTAT TGTGGATTAG	1440
	TTACTGAGGC ATTTTITAGGA CAAGAAATTA CATTAAAAGG ATGGGTTAAC AATCGTCGTG	1500
20	ACCTTGGTGG ATtGATTtC GTTGATTtAA GAGATAGAGA AGGAATTGTA CmAGTCGTGT	1560
	TTAATCCTGC ATTTTCAGAA GAGGCaTTGA AAATTGCTGA AACAGTACGT TCTGAATATG	1620
	TTGTAGAAGT TCAAGGTACA GTTACGAAGC GTGACCtTGA AACAGTTAAT CCTAAAATTA	1680
25	AAACTGGCCA AGTTGAAGTA CAAGTTACAA ATATTAAAGT GATTAATAAA TCTGAGACAC	1740
	CACCATTTTC TATAAATGAA GAAAATGTTA ACGTTGATGA AAATATTCTGA TTAAAATACC	1800
	GTTATTTAGA TTTACGTCGT CAAGAGTTAG CGCAAACATT TAAAATGAGA CATCAAATTA	1860
30	CACGTTCTAT TCGTCAATAT TTGGATGATG AAGGGTTCTT TGACATCGAA ACACCAGTAC	1920
	TAACGAAGTC AACACCTGAG GGTGCACGTG ACTATTTAGT ACCATCTCGT GTTCATGATG	1980
	GTGAATTTTA TGCATTACCA CAATCACCAC AATTATTTAA GCAATTATTG ATGATTAGTG	2040
35	GATTTGACAA ATACTACCAA ATCGTAAAT GCTTCCGTGA CGAAGATTTA CGTGCAGATC	2100
	GTCAACCTGA ATTTACACAA GTCGATATTG AAATGAGTTT TGTAGACCAA GAAGATGTGA	2160
40	TGCAAATGGG TGAAGAAATG CTTAAAAAAG TTGTAAAGA AGTTAAAGGC GTTGAAATTA	2220
	ATGGCGCTTT CCCACGCATG ACATATAAAG AAGCGATGCG TCGCTATGGT TCTGATAAAC	2280
	CAGATACACG TTTTGAAATG GAATTAATTG ACGTTTCTCA ATTAGGACGT GATATGGACT	2340
45	TTAAAGTATT TAAAGATACT GTTGAAAATG ATGGTGAAAT TAAAGCAATT GTCGCTAAAG	2400
	GTGCAGCTGa ACAATATACT CGTAAAGaTA tGGGaTGCTT TAACAGAATT TGTaAACaTC	2460
	ymTGGtGCTA AgGtTAGCGT GGGGTAAAG TTGTGGGAAG GTGGTTTTGA CAAGGTCCCA	2520
50	ATGG	2524

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 361:

55

	AATGCTCTTT TCATCTCCAT GCCCTGTTGC TCATTATTAA TAACACGGTC TATTAACACA	180
	ATGGCATTG TTAAGTACGAT TCCAATTAAC ATTAGCATAC CAATTAAACT TGGTACTGAT	240
5	ATTGTTTCTC CTGTGATTAA TAGTGCAATA ATTACACCGA TAACTGTAAA TGGTAAAGAG	300
	AATAAAATTG TAAATGGTGC TAGGCCACCT TTAAATGTAA TAACTAGGAT TAAATATACG	360
10	ATAATGATTG CAGCTAACAT TGCAAAGGCT AATTGTGTCA TTGCATTGTT AATATCATCT	420
	GATGCACCAC CGATATTAAC CTTTACATTA TTCGGTTTAT CCAAATTATT TATTTTAGAC	480
	ATCACTTGTC GTGTGTGCC ACCCACATCT TTATTTGTGA CTTTAGCAGA TACCGTCGTT	540
15	GCATAATCTC CTTGTTCTTG CGTCAATTTA CTTGGTGTGC TTGTTTTAAC TAACGTAGCG	600
	ATATCTCCCA ATTTAATCGT ACCACCAGTC GGCTTTTTTCA AAG	643

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 360:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2524 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 360:

30	TTTCAGGCyG TGCAAGGGCT TTTTCTTTTG CTTTTAAGAT TATGATTAT CGTGCAAAGT	60
	TAAGTGGTCG TATATAGTTT TAGTTTTAAA AAGGTAATTA AATAAAATAG TTTGCCGAGG	120
	GAGATGTCAA AATGATTAAA ATACCTAGAG GGACGCAGGA TATTTTACCT GAAGATTCAA	180
35	AGAAATGGCG TTACATTGAA AATCAATTAG ATGAATTAAT GACATTTTAT AATTATAAAG	240
	AAATAAGAAC ACCAATTTTT GAAAGTACAG ATCTTTTTGC AAGAGGTGTT GGTGATTCAA	300
	CCGATGTCGT ACAAAAAGAA ATGTATACAT TTAAAGATAA AGGCGATAGA AGTATTACAT	360
40	TAAGACCTGA GGAACAGCT GCAGTTGTGC GTTCATATAT TGAACATAAA ATGCAAGGTA	420
	ATCCAAACCA ACCAATTAAA CTTTATTACA ATGGACCGAT GTTTAGATAT GAACGTAAGC	480
	AAAAAGGACG CTATCGTCAA TTAAATCAAT TTGGTGTAGA AGCTATTGGT GCTGAAAATC	540
45	CTAGCGTAGA TGCAGAAAGTA TTAGCTATGG TTATGCATAT TTATCAATCA TTTGGATTAA	600
	AACATTTAAA GCTTGTTATT AATAGTGTAG GGGATATGGC GTCTCGAAAA GAATATAACG	660
50	AAGCGTTAGT GAaACACTTT GAACCAGTAA TTCATGAATT TTGTTGAGAT TGTCAATCAC	720
	GTTTGCATAC AAATCCGATG CGAATTTTGG ATTGTAAAGT AGACCGTGAT AAAGAAGCGA	780
55	TTAAGACTGC ACCTAGAATC ACTGATTCTT TAAATGAGGA ATCTAAGGCA TATTATGAAC	840

AAATTAGAGC GCAGGCAGAA ATCGCCATAG ATGAAGCGGA TGTATTATT TTTATGGTTA 2400  
 ACGTGCCTGA AGGATTGACA CAAAGCGATG AAATGGTCGC TCAAATTTTA TACAAATCTA 2460  
 5 AAAAACCGGT CGTATTAGCG GTTAACAAAG TAGATAATAT GGAAATGCGT ACAGACGTGT 2520  
 ATGATTTCTA TTCATTAGGA TTTGGTGAAC CGTATCCGAT ATCAGGGTCA CATGGTTTAT 2580  
 GTCTTGGTGA CTTGTTAGAT GCAGTTGTTT CTCATTTTGG TGAAGAGGAA GAAGATCCTT 2640  
 10 ATGATGAAGA TACAATTCGA CTATCCATTA TTGGACGACC AAACGTAGGT AAATCAAGTT 2700  
 TAGTAAATGC TATTTTAGGT GAAGATCGCG TTATCGTTTC TAATGTTGCA GGGACAACGA 2760  
 GAGACGCTAT TGATACAGAG TATAGTTATG ATGGACAAGA TTATGTTTAA ATCGATACTG 2820  
 15 CTGGTATGCG TAAAAAAGGA AAAGTATATG AATCAACTGA GAAATATTCA GTATTAAGAG 2880  
 CTTTAAAAGC GATTGAACGT TCAAATGTTG TTTTAGTGGT CATAGATGCA GAACAAGGCA 2940  
 20 TCATTGAACA AGATAAACGT GTTGCAGGAT ATGCACATGA ACAAGGTAAA GCAGTCGTGA 3000  
 TTGTCGTAAA TAAATGGGAT ACTGTGGAAA AAGATAGTAA AACGATGAAG AAATTTGAAG 3060  
 ATGAAGTACG TAAAGAATTC CaATTTTATG ATTATGCACA AATTGCTTTT GTGTCTGCTA 3120  
 25 AAGAACGCAC AAGATTACGT ACATTATTCC CTTACATCAA TGAAGCAAGT GAAAACCATA 3180  
 AAAAACGTGT TCAAAGTTCA ACTTTAAATG AAGTTGTTAC TGATGCAATT TCCATGAACC 3240  
 CTACACCAAC AGACAAAGGT AGACGTTTGA ATGTCTTTTA TGCAACACAA GTTGCTATAG 3300  
 30 AACCACCGAC ATTTGTTGTA TTTGTAAATG ATGTAGAATT AATGcATTTT TCTTATAAAC 3360  
 GCTATTTAGA GAATCAAATC CGTGCCGCTT TTGGTTTTGA AGkTACACCA ATTCATATTA 3420  
 TAGCTCGAAA GAGAAATTAA CGATTGGGGG ATAACAATGA CTAAAATTAC CGTTTTTGGT 3480  
 35 ATGGGAAGTT TTGGGACAGC CCTTGCCAAT GTTCTTGcAG AAAATGGACA TGATGTTTTG 3540  
 ATGTGGGGTA AAAATCAAGA TGCTGTTGAT GAATTAAATA CATGTCATAC AAATAAAAAG 3600  
 40 TATTTAAAAT ACGCGAAATT A 3621

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 359:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 643 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 359:

CTTTCGGAAA TTAGGATCnG nGCTATCTTG GCCCCAATTA CCAAGGGAAC TAnTGGCACC

60



	ATAGCAAAC	GTATTACTTT	GATACAAAA	TGGTTGTAAT	AAATATTTAT	CGATATGACG	600
	ACTTGAATAT	GATAAAGTGA	CATATTTATG	TATATGACTA	TTTCGCAAAA	TGTAATCGAG	660
5	GTAGAATTTT	TTGACAATTC	TGTCAGTTTA	TAAGATGTTA	TAAATATGTA	GTGTATAAGG	720
	AGGCAAACAA	GATGACTGAA	GAATTCAATG	AATCAATGAT	TAACGATATT	AAAGAAGGTG	780
10	ACAAAGTCAC	TGGCGAGGTA	CAACAAGTTG	AAGACAAGCA	AGTTGTTGTT	CATATCAACG	840
	GTGGTAAATT	TAATGGGATT	ATTCCTATTA	GTCAACTATC	TACGCATCAT	ATTGATAGCC	900
	CAAGTGAAGT	TGTAAGAGAG	GGCGACGAAG	TTGAAGCATA	TGTCACTAAA	GTTGAGTTTG	960
15	ATGAAGAAAA	TGAACTGGA	GCTTACATCT	TATCTAGAAG	ACAACTTGAA	ACTGAGAAGT	1020
	CTTATAGTTA	TTTACAAGAA	AAATTAGATA	ATAATGAAAT	CATCGAAGCG	AAAGTAACAG	1080
	AAGTAGTTAA	AGGTGGTTTG	GTTGTTGATG	TAGGACAAAG	AGGTTTTGTT	CCGGCTTCAC	1140
20	TAATTTCAAC	AGACTTCATT	GAGGATTTCT	CTGTGTTTGA	TGGACAAACA	ATTCGTATTA	1200
	AAGTTGAAGA	ATTGGATCCT	GAAAATAATA	GAGTCATTTT	AAGCCGTAAA	GCAGTTGAAC	1260
	AAGAAGAAAA	CGATGCTAAA	AAAGATCAAT	TATTACAATC	TTTAAATGAA	GGCGATGTTA	1320
25	TTGATGGTAA	AGTAGCGCGT	TTAACTCAAT	TTGGTGCATT	TATAGACATT	GGCGGTGTTG	1380
	ATGGTTTAGT	GCATGTATCT	GAACCTTCTC	ACGAACATGT	TCAAACACCA	GAAGAAGTAG	1440
30	TTTCAATTGG	TCAAGATGTT	AAAGTTAAAA	TTAAATCTAT	TGATAGAGAT	ACAGAACGTA	1500
	TTTCATTATC	AATCAAAGAT	ACGTTACCAA	CACCTTTCGA	AAATATTAAA	GGTCAATTCC	1560
	ACGAAAATGA	TGTCATTGAA	GGTGTGCTAG	TAAGATTGGC	AACTTTGGT	GCATTTGTTG	1620
35	AAATTGCACC	AGGTGTACAA	GGACTTGTAC	ATATTTCTGA	AATTGCACAC	AAACACATTG	1680
	GTACGCCAGG	TGAAGTGTTA	GAACCTGGTC	AACAAGTAAA	TGTTAAAATA	TTAGGTATTG	1740
	ATGAAGAGAA	TGAAAGAGTA	TCACTATCTA	TTAAAGCAAC	ATTACCAAAC	GAAGATGTTG	1800
40	TTGAAAGTGA	TCCTTCTACG	ACTAAGGCGT	ACTTAGAAAA	CGAAGAAGAA	GATAATCCAA	1860
	CAATTGGCGA	TATGATTGGT	GATAAACTTA	AAAATCTTAA	ACTATAATTT	AATATTTAAT	1920
45	AGTCAACTCC	ACATGTTTAT	GATTGcATGT	GGAGTATTTT	TATGTAACAA	AATATACTCG	1980
	GAATGATAAC	GTGGgACAAA	TTTAACTAAG	TGTTTAAAAA	GATArAGTTT	TAAGTGcGa	2040
	cTTTTATCAT	TACAGTAATA	AACTCATTTT	GAATACACAG	TCTCATGTGA	TATTATTAAA	2100
50	AAGATATaAG	AAAGAGAGGA	AGTTAGCTTA	TGACTAAACC	TATAGTAGCT	ATTGTAGGTA	2160
	GGCCTAATGT	AGGTAAATCT	ACAATTTTTA	ATAGAATAGT	TGGAGAACGT	GTTTCGATTG	2220
55	TGGAAGACAC	GCCAGGTGTA	ACACGAGATC	GTATTTATTC	TTCAGGTGAA	TGGTTAACAC	2280

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 357:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 534 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 357:

```

AAAGTAAAAA TAAATCTCCC TTTTAACTT TCGTTTCTGC CATAGCCATT GCTTCTTCTG      60
TGATAGTTGC TACAATATCT TTTCTTTCAC GGTAAAAATG TTCAACTTGT TCTGCTAAAA      120
ATGCAGCTTC TTCTTCGACG TCAGTCATCA ACAATTCGCa AGCTAATGAT GCGTCATCTA      180
AACGACCTAC AGCATTAAAGT CTAGGTCCAA TAATAAAACC AATTGTTTCT TCATCAATAT      240
TGTCAATTGTA TCCCGCTTCT TTTAGCAATG CTTTAACAGA GGTCGGACAT TGATCATTTA      300
AGACTTTTAA TCCTTGTTCTC ACTAATGATC GATTTTCATC AGTTAAGGAT ACTAAATCCG      360
CAATGGTACC TATCGCAACT AATGCTTTAA AATAATCAGG TACATTTtCA ATCAATGCTT      420
GTGCTAATTT GTATGCAACA CCTGCACCAC ACAATTGTTG GAACGGATAA TTAACGATG      480
GATGCATTGG ATGTACGATT GCATATGCTT CTGGTAATGT ACTACCAATT TCAT      534

```

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 358:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3621 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 358:

```

GGTGAGTCAA ATTAAATGAA TCTAATAAGT CATAACTATC TATTTGTAAT GTGCAACGCT      60
TAACGCATAT ACAAAATGAA TGTGCTGATA ATGATTTACT CAAATTAAAA GGTGATTTTT      120
ATTCAATGAT GAATGAAAGT TGCCTTTTAA TTTTGGTAA AAGTTAATGC GTCAGTGAAT      180
TGTGTAAGTT TTTCAAAAAG TAAAAAGAAA TAATAAAGGT GAATTATTAG AATTCCAFAA      240
ATAATTCATT ACATTCATAA AGCATTTTAC AAATGGTAAG AAAATGAGTG TTACAAATCT      300
AAATATTGCA AAAGAAGCTG ATTTAGTCAC AAAAAATGTC CTATGTAATA ATTCGAGAAA      360
GATGCACTAT ATACGGTCTT CTTACTATTC AAATGTAAAA GTTGCTTATT TGCCTGGCTT      420
TTTGTTTTAT AAAAGTATAA AATTTTACTA TAATATATCT TGTAGAGAAC AATGAAATGA      480

```

ACAATTAGAC ACTGAACATT TAGCTGATTT AAATCCAGAG CGTATGATCA TTATGACAGA 180  
 TCATGCTAAA AAAGATTCTG CTGAATTCAA GAAGTTACAA GAAGATGCAA CATGGAAAAA 240  
 5 GTTGAATGCA GTTAAAAATA ATCGCGTGGA TATTGTTGAC CGTGATGTTT GGGCAAGATC 300  
 TCGTGGCTTA ATTTCTTCTG AAGAAATGGC TAAAGAACTT GTTGAATTAT CAAAAAAGA 360  
 ACAAAGTAA GGTGGAAGTA AATGGCTATA AAAGAAATAA GTAGCCAATC TGCCATAGAT 420  
 10 CATAAAAGAA AAAGACGCAC AACACTCACG TATATAGTGA GTTTGTGCTT TCTTTTTATT 480  
 TGTATATATT TAAATATGGC GATTGGTTCT TCGAAAATTA ATTTTAGCGA TATCATTCAC 540  
 15 TATGTTACTG GTCATACAGA TACGAAAGCA ACGTTTTTAT TGCATAATGT ACGTATGCCA 600  
 AGGATGATTG CAGGGTTATT TATTGGCGGT GCATTAGCGG TATCTGGTTT GTTAATGCAA 660  
 GCAATGAC 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 356:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 787 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 25 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 356:

30 ATACAAAAAA ACATATCGAA AATAAAGCTA AAAGAACTA TCAAGTTCCA TATTCAATTA 60  
 ATTTAAATGG TACATCTACA AACATTTTAT CGAATCTTTC ATTTTCAAAT AAACCTTGGA 120  
 35 CAAATTACAA AAATTTAAGT AGTCAAATAA AATCAGTACT GAAGCATGAT AGAGGTATTA 180  
 GTGAACAAGA TTAAAAATAT GCTAAGAAAG CTTATTATAC TGTTTATTTT AAAAATGGTG 240  
 GTAAAAGAAT CTTACAGTTG AATTCAAAAA ATTACACAGC AAACCTTAGTT CATGCGAAAG 300  
 40 ATGTTAAGAG AATTGAAATT ACTGTTAAAA CAGGAACTAA AGCGAAAGCA GACAGATATG 360  
 TACCATACAC AATTGCAGTA AATGGCACAT CAACACCAAT TTTATCAAAA CTTAAAATTT 420  
 CGAATAAACA ATTAATTAGT TACAAATATT TAAATGACAA AGTGAAATCT GTATTAAAAA 480  
 45 GTGAAAGAGG CATCAGTGAT CTTGACTTAA AATTTGCGAA ACAAGCAAAA TATACAGTAT 540  
 ATTTCAAAAA TGGAAAGAAA CAAGTAGTGA ATTTAAAATC AGACATCTTT ACACCTAATT 600  
 50 TATTTAGTGC CAAAGATATT AAAAAGATTG ATATTGATGT AAAACAATAC ACTAAATCAA 660  
 AAAAAAATAA ATAAATCTAA TAATGTGAAA TTCCAGTAA CAATAAATAA ATTTGAAAAC 720  
 ATAGTTTCAA ATGAATTTGT GTTCTATAAT GCAAGCAAAA TTACmATTAA TGaTTTAAGT 780

TTATTCGTCT TAGAAAAGTT CGGAGGTGCT TGTyGTTGAC TTGATAAACC GaAAAAGCATA 2220  
 CGGCTATTTG AGAATATACC ACTGTTACAT GATGAAGCAG CAGCGGTTAA TACTACAAAA 2280  
 5 TTAATCAAGC CCGCAGCAAA CGGAATTCCG ATCAATGCGA ATrATTTTnC GAATGGACTG 2340  
 TTATCAGGAT CAACTTGCTG CCAAGGGGTA ATAGACATGA TAACCGCTAA CGCCCCAACG 2400  
 TnnATATTA A 2411

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 354:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 605 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 354:

GnGAATTATT TTTAATAATG AAAGGATTAC TnCATGGGT TTTACTAGG AnTACCCAGA 60  
 AGGTCAAAAT ATTTTGTATG CGCTAAGTCA ATATGAAGTT AAGCGACGCG GCGATATGGA 120  
 25 AGAGGATCCA TCATATAAAC AACTCATTTC TTATTGTTTA CTTGAAAATG AGCATGGCGA 180  
 GATATTAGTG TATGAACGAT TATCTGGCGG TGGAGAAGCT CGATTGCATG GACAATCTTC 240  
 AATAGGTGTA GCGGTCATA TGAATGATGT TCCAGGAGCA GAATCTATTA ACGAAGTATT 300  
 30 GAGAGTTAAT GCACAGAGAG AATTAGAAGA AGAAGTAGGT TTAAGTGAGC AAGATTCACA 360  
 AAATATGGAA TATATCGGTT TTATTAATGA CGATAATAAT GAAGTGGGCA AGGTACATAT 420  
 TGGTGTTGTA TTTAAAATCA CTGTAAGTAC GAATGATGTA GAAGCTAAAG AAACAGATAC 480  
 35 TTTACGAATA AAATGGGTTG AAAAAGGCAA CATAGAGTCA TATGATGATT TCGAAACGTG 540  
 GAGTGCATTA ATCCTTCAAG ATTTATAATC AAACGAGGTG ACATATATGT CAGATATTAT 600  
 40 TCCAG 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 355:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 45 (A) LENGTH: 668 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 355:

TTTATTAGCA CATCCAAACT ATTCATATGT TGGACAATTT TTAAACGAAC TAGGATTTAA 60

	AACAAC TT TA TCGTTT T GCAA CGACTAA ACC TGCTTTAATC CAATCTTGTA TCTGGTTACG	420
	AGACCAATCA TTATTTAATT CAGGCAGCAA CTTATCTACA CGCATACCTG TTTGTTCTTT	480
5	ATCTGTAATG TTAAATTCAT AAGTCTCCAT TACTTAACCT CCTTCTCCTT TTTATTGGAA	540
	GTATCCTTTA ATAAGGCAAT AATAATTAAT ATTACACCAA TTGTTAAACT TGAATCTGCG	600
10	ATATTAAATA TTGGAAAATC ATAACCAAAA ATATTTGTAT CAATAAAGTC AACAAC TTCT	660
	CCTGTTAAAA TTCTATCAAT AAAGTTTCCA AGTGACCTG CAAAAAGTAA ACTAATAGCA	720
	ACTTGCATAA ACAAATTATA TTGAGCATCT TTAATAAAGA AATATACTAA GGCTATTAAT	780
15	ATAATAATGG TAATAATAAA GAAAAATGTC ATTTTTCAC TCAATATTCC CCATGcAGCA	840
	CCATTATTTT GATGTGaTGT TATGTTTAAA AAGTGCGGTA TCACTTCAA TGAATCTCCA	900
	ATTTTCATTG TAGTAGCTAT AATATATTTA GTAAC TTGGT CAAATATAAC GACAAACT	960
20	GCTATTAAAA TGGAAGTGCC AATAAAATAT TTTTGTGCA TTTTCGTTCC TCCAATCAAT	1020
	CGTCCATGAG ACAACTCTTT ATATTATAGC TTACACCTGC TAATAAAAA AGTAAGCATA	1080
25	TTACATTAAA TCTAATGT TA CTAAC TCAAT ACTTGATAAA CTACTATGTT TTGACATTAA	1140
	ATATGAACTT AATTATTCAT TTATCATATT TAAGATGACA TTAAAAATTA GGAAAGCAGG	1200
	CTGGAACATA AATCCCTAAA AAGACAGTAG TAAGATATTT TCTAATTAAA AATTATCTTA	1260
30	CTGCTGTTCT CTATTTATAC AATACTTCGT ATTGAATGGC TTCGCTATGC CCATCTGGCA	1320
	CATTACTGTA AAATTCTATA AATAGAATTT TTGATGATGG GTCCCTTCCT AGGGTGCCGT	1380
	CTCAGCCTCG GcCTTCGACT GGC ACTGCTC CCTCAGGAGT CTCGCCATTA ATACTACGTA	1440
35	TTAACATGTA ATTTTACTTT TAAATACTTT AAAAAATAA GACATGAATC GTCTACACTT	1500
	AATTGGACAA ATTCTATGAG AATAGATATT GTTAATTTAA GAAAGTAGGC TATTTTGAGT	1560
	TtCACTCGAA TGTCAGTTCG AGGAATAAAT AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGTATTA	1620
40	ATGGCAATTA ATATAAGGAA AATAGCAGCT CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC	1680
	AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAATTAAT AGAAATCAGC TTTT TACAT TGCCTAAGAA	1740
45	CTTAATGTCC CAAGCCCTAA AACTGTTGT TATTTATTTG ATTTAGCAGC GATACGTTTA	1800
	TATCTTAAGT ACATAAATGC TAAAAGTATA AACCAAATCG GAATAAAATA AATTGCACGT	1860
	CTTGTATCAA CATTAAATAA TAATAACCCG AACACAAAA TGAAGAATAC AAATATTAAG	1920
50	TAGCCCATAT ATTTGCCACC TAATAGTTT TACGTAGCAT TTTTATGTAG ATCTGGGTTT	1980
	TTACGACTAT AATTGATATA TGCAATGATA ATCAGACCCC ATACAACTAA AAATAACACT	2040
55	G TAGAGATGG TAGTCACATA CGTAAATACT TTTGTGCGCAT CTGGGAAAAT ATAGTTTAGT	2100

ACTTCAATTT ATTTGTAAAT AGGAATAATT CTGTTTACATA TTATATAGGA GCGTTTCCTC 8940  
 TTTTCGCAATC TTCGATAATA AAAAAATAGT ATACTTAATT AAATTATTGA GCGCTTTACT 9000  
 5 TTATAATGGA GACAAAGATA TATCTCACGA AAGAGAATCG AGGTGTATAA ACATGTTATT 9060  
 TGTCATTTTA GTTTTATATG TTAGTGGTAT TGCATTTATT CTAATCAGTG TTTTGGTTTC 9120  
 AAAGACTGAA GGATTATCTA CGAAACATAC TTTATATACC ATTGGCAGTG CTATTATAAC 9180  
 10 GATTGCTATT TTCATTTCAA TTGGCTATGC CATTCAATAC TTAAGTGCAG CGCTTTATGG 9240  
 TTTGTAAGGT GAAGGTGATG AGTAACGGGT AGTTCGGGAG AGGTAACTT GCGTTGATTT 9300  
 15 TGATAAAGTG ATCATAGCTT TTAGTACTTG AGGATTTTTTA TTGTTGCTGT TACGAATGTG 9360  
 GTCATGTTTA ATGCGGGACA GTAATTTAAG TTGTTTTTTT ACAATTGAGA GTGTGATATT 9420  
 TCGATTCCGT TCGAATTACT TTACATGGGA ATAATATAAA TTAAGGAGAA GCGGCCTAGT 9480  
 20 GTCAGTTGTG AATATACTGA ACATTGGTCG CTTTATTTAG TAGTATGATA TGTTAGTTTATG 9540  
 CTATTAATTT TTTTCAGGTC ATCCTTAATG CTGTCTATCT CAGACATGGC ACTTTTAACC 9600  
 CAATCTCCTT GAGCTGCACC TTTAAATTA GCTTTAAAAG ctTCGCAATG TTGCGCCATT 9660  
 25 TGTTCAATTA ATACTTTTTT TTCACCTTTT AATCCGTTTT CAATATCTTT GTATTTATGC 9720  
 TTATGTTTCA GTGCAATAAC TGTGCGAATA TTTTCTTTTT GCGCTTCCAT TTTAGATATG 9780  
 AGATTAAGTG TTTCTACTGT AGTACTTATA TCTGGCATT CTTAAGGTCAT ATCTGGTTCT 9840  
 30 ATTAGAGTCA TTTAATCTCC TCCAAATTAT CAGTCACTTA GCTTATCTAA CTGCTTTTCA 9900  
 TAAGACTTTT TTAAGTCTTC TTTATATTCT TCTAATTTCC CATTCTTGCT TTCTGA 9956  
 35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 353:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2411 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 40 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 353:

45 TTTCTTTTAA CAGaTTTATC cCATTAAATTG TTCTACAAGC CCACGaTGAG CAATATCATT 60  
 TTTAGCAACC ATTAATAAAC CAGAAGTATC CATATCTATA CGGTGAACAA TACCTGGACG 120  
 50 AATTTCTCCA TTAATACCTG ACAAATTTTT AATTTGATAC ATTAAACCAT TAACTAATGT 180  
 ATTGGTATAA TGCCCTGGTG ATGGATGAAC TACCATGCCT TTCGGTTTAT ATACAACTGC 240  
 AACATCGTCA TCTTCATAAT AAATATCTAA ATTTAAATTT TCAGGTAGAA TATCAGCTTC 300  
 55

	TTATTGATGT GAGGTGAGTC TTGTTAGTTT GTTGCAAATA AATGGTCTTG GTGTTTTTTG	7140
	TATAGGACGT TCTTAGTGGG ACATACGGAA TATTCGTGAT CTTTGTAGTC TGACGCGTTA	7200
5	TATTTTGTG GCGTGTTTAA TGTTTGATAC TCGAGTTCTG AGACATTCAT GATTTGGCAT	7260
	GCGAAATCTT AATGATTTTC ATGATCTAGC GCAAGATATA TTGGCCACGT GCGGAATTGC	7320
10	GTTCACGTT TAGACTGAAA CACTCGTGTG ACCGTAAGTG TTAATAGTAC ATTGATAGCT	7380
	GCATTTACTT CACTCATTTT TATGACTGTT AAACAATGAT TGTACCTTCA ATTAACAGTT	7440
	GGTACGATGG TTTTGCCATT TTTCATCAAC GTAAATATAA AAAGGACTAA GACACATACA	7500
15	TGTCCTAGCC CTATGGATAA AATGCAAATT TCTGCTTTAT CAAAACATC ACACTTTAGA	7560
	TAGATTGAAA ACAAAAAGAT CCTAAGAACA CCTTAACTTT TTATTAATTG TCATAAATTG	7620
	CAACAATTA AGCCACAATT CAAAAATGAT TATACTTCAT TCAACTTATC GTGCTGGTCT	7680
20	AATTTGCCAT TGATATGGAT CTTCAAATTG TTGCCAATCT GCATCAATTT CTTGCGCATT	7740
	GACTAAGCAT GCGTCGAGTT CTTTGTGTTAA TTTTCTTCA TCTAATTCTG TACCAATAAT	7800
25	GACAAATTGT GTATGACGAT CGCCATATTC TGGATCCCAT TCAGCTGCGA CATCTTGACG	7860
	TTCTGCTAAT ATTTGTGTTT GTTGCCTTC AGACATACTA GCCACCCAAT ATGTAAGTGG	7920
	ATGAATATTG CAAGATGACC CTGCTTGAGA TAATAACAT GCTACGTGAT TGTATTGTGC	7980
30	TAGCCATACG ATACCTTTTG ATCGAACGAC ATTATTTGGC ATGCTTTCTA ACCAATCATT	8040
	GAACCTTTTA GCATGGAAAG GTAGACGACG TTTATATACA AACGATGATA TACCATATTC	8100
	TTCTGTTTCA GGTGTATGCG ATGCATGCCC ACCAGACTCA AGTTCTTTGA TCCATCCTGC	8160
35	TGACTCGCTC GCTTTTTCAA AATCAAAACG CTGCGTATTC AAGACTTCTT TTAAATCTAC	8220
	TTCAGAAATT GTTGTCTTAA TAATTTTAGC AGTCGGTTGC AATGCGCTTA ACATTTTTTC	8280
	TAACTTCGCT AGTTCTTCTT CACTAATTAA ATCAATTTTA TTAATAATCA ATACATCACA	8340
40	AAATTCAACT TGGTCAATTA ATAAATCAGC AATCGAACGC TCATCTGTTT CGTCAACGCT	8400
	TTGATCACGA TCCATCAATA AATCTTCTGA GTTGATGTCA TGTACGAAGC GGTTAGCATC	8460
45	CACAACTGTA ACCATTGTAT CTAAACGGCA AATCGCTGTA AGATCAATGC CAAGTTCATC	8520
	ATCAATATAT GAGAAAAGTT GTGCAACAGG TACTGGCTCT GAAATCCCTG TTGACTCAAT	8580
	AACAATTTGA TCGATGCCAC CTTTTTTCAC TAAACGCTCA ACTTCTTTTA ATAAATCGTC	8640
50	TCTAAGTGTA CAACAGATAC AACCATTAGA AAGTTGACT AATTTTTCAT CTGTACGCGA	8700
	TAGTCCCCCA CCATCTGCGA CAAGATCTTT ATCGATATTT ACTTCACTCA TATCATTTAC	8760
55	AATTACCGCG ATACGTCGAC CTTCTCGATT TTGTAAAATA TGATTTAACA ACGTTGTCTT	8820

	AGAAATACTA GAAAGGATAA GTAATAATGA TAACGCAAAT CCATTATCAA ATATCGGGCGC	5340
	AAAACGAGTT AGAATAACAC CACCTGCATT CACAATTCCT GCATGCATAA TTGCCGATAC	5400
5	TGGCGTTGGT GCCGTTACAG ATTCAATCAA CCATCGATGA AAAGGAAATT GTGCTGCCGG	5460
	TATCATGACA GCTAATACAA GTAGTACATT CGTCAACAAT GACCATGTCTG GATGAACTAT	5520
	ATGTTGTGGT ACCCGCCACT CGCCAGTCGC AATATAAATA GTTACAATTG CTCCAACGAA	5580
10	TGCAAGCCAA CCACATAAAA ATGTCATGCT TGATAATTTT GCAGACTCAC GTGGCACTTT	5640
	CCAAAAACGA TTAACGTTCA TCAGCAATGT TAAACATAAT AATGTAATAC CCCAGCAGAG	5700
15	TGCCATCAGT CTTAAGTCTT CAGACATCCA TGCTAAAGAT GCAAACGACG TAATCGCAGT	5760
	GAACAATGGA AAGTAATGTC TATAATGATG ATCACCTAGT AAATATCGCA TTGAAACTT	5820
	TTGAATAATA AAGCCAAGCG CCATTACAAA GCCAGCTAAT AACCAAGATA AACGATCTAT	5880
20	TTTAAATGGA CCTAAGACAT GTTGACCATG AATACCGAAA AAGCCAATGA CTGCAAATAA	5940
	TACTGGCATG ACTAGTATGT ATAAATGTAA TTTAATATAT CTCATTGGCA TAACTGGTGC	6000
	TAAAAACAAC AAGCCACTTA TCAATGCAAT GATAAGCGCA ATAACAAACA GTGAAAATAG	6060
25	CAATTGAAAA CTTAACACTG CATAACCTCC TTATTTCTAA TCTCTCGCAT AATTGCTTAT	6120
	GTATAAAAAT AAAACCTAC AATAGTAGAT TCTGTACATA ATGGCAGAAA ATTTACTATT	6180
	GCAGGTTTCA GTTTAACTAG AACTGTCATC ACGGTACGTT GATATACCTT GTTGCAGTGT	6240
30	TCTCTTTAAG CGTGCTCCCA TGCACATATG TATATAAAT GTTACTTCTG TCTGTTCAAT	6300
	TCATCTTCAT AAATATGCTT TGCCTAGACG AGACCTAACG TGTTATTCGT TTTAACTTA	6360
35	TAACATAAAA TATAATTAAA TTTCTGCTTC ATGTCAAATT CATGAGCTTA ACCTCTATTA	6420
	AACCAATGAT TGTAAGATT TTGTAAATGC ACCTGTACAG TTAGGCAGTA TTTCCCGTCC	6480
	TTTTAAAATA AAAAATTCGC AGTTATGATC ATAACAATTC AAGTTAGGAA AAAAATCAAT	6540
40	TACGCACAAG ATAACATATGT ACAATGAAGT TAACTCATAA GCAAAGGAGG TAATCTTAAT	6600
	GGGTATCATC GCTGGCATCA TTAAAGTTAT CAAAAGCTTA ATCGAACAAT TCACTGGTAA	6660
45	ATAAGATTTT ATAACAAACA AAGGAGGTCT TTCACATGGG TATCATTGCA GGAATCATT	6720
	AATTCATTAA AGGATTAATT GAGAAATTCA CTGGTAAGTA AGTTATAAAA ATCTCATAGA	6780
	TATGAACATC TTATTTGAAG GGGGCCATTC ACATGGAATT CGTAGCAAAA TTATTCAAAT	6840
50	TCTTTAAAGA TTTACTTGGT AAATTTTTAG GTAACAATA ATCTCAAACA TTAACGATCA	6900
	ACAACTCATC ACTATGTAA ATCAACATAC AGGAGGACAA AACGATGGCT ATTGTAGGTA	6960
55	CTATCATTA AATCATCAAA GCAATTATCG ACATTTTCGC AAAATAATTT AAGCGAATTG	7020



55

	TTTCAGCTTC GATTTACCT TTCGTTCTTT TCATATCACT AACTCCAATA ATATTAAAAT	1740
	TGATTACTTC ATCTTTGTAT CGTTATCAG ACATCAACTA TTACATTAAG TTTATCATTT	1800
5	TTAGTATATT TTAAGAAGCT AGAACATTGT AGATATGATG ATATATTAGT TACTTAGCAT	1860
	CGCAACATAT CATCGTTAAA TCCAACTTTT AAAACGCCCT TCCTCATTAA CGCTCATTAA	1920
	ACGCAGCCAA TGATTAGACA CCTTCCTAGC GAAATGCTCA TTATTCGCGA GTAGTCTTGC	1980
10	TACAACATAG TCGGGTGCCT GAATAACGAC AAGTAAACGA ATTGGCGAAT GATACATCGT	2040
	CCGATCAGCA GCCATAACAG ATTGCCATGA TAAGCCATAC ATCAGATCAC TCGCATTACC	2100
	TTGCATGACA CCAACACCTG ACGTGACGGT TTGTGTGCGT TTATCCAC TTCCGTAAAA	2160
15	ATGCGGCGCA ACTGTGACG CATAATATTG TAAATTAATC CATTGTGCCA CAAGTGCCGG	2220
	ACCAGAAATG ATGGTATTTA ATAATGTGCC ATCTTTATCT TTACGCCAAT CATAATTGTG	2280
20	TAAAAATGTC CGCCCTTCTA AATCAATGCC TTTTGTTAAT TGGCGTCGTC CAATTATAAA	2340
	TGATGCATTT TTAGCCAATC CCCATTCTGG ACGTACCTCA CTCCAATCAC TCGCAAACCG	2400
	CTGCGCTTCT TCCACTGGAT GATTCACACG ACCAATCGTT GGCAGTTTGT CCAAACGTTT	2460
25	GCGATTGCGG TGtTCAGAAA TCATCGGCAT CGCGTCATTC AATGATTCAT ATGCATCTAA	2520
	AGCAATAGAA GATAATGTGT CTGGCACATA TACCCATGCC AACGTATCAG TAGACGTATG	2580
	ATGTTCTGCT ACCGCAAAAA CAGTTGTCTC TGGAATATAC ACACCTGATT GTTTTAATCC	2640
30	TTGTCTGACA TTTGGACGAT TACATATCAT CGCTAATAAC TTAGCATTA AACCCTGTA	2700
	TGCGCCACCA CAAGCCCCAC ATTCAAGTGA TGCATGATGT GGATTATTGT GAGAATGACT	2760
35	AGCATGACCT GCTAACACAA CGAACGGCGC AAATGCTTCG GTTAAATCCA TCAATTTCAA	2820
	CGCTTGTAAC GCGAAATCAA TTTGCTCTTG CTCAGTAAAT CCAACAGGTA AGTCTGATGT	2880
	TCGGTCAAAC TCACGATCAA TCGTCAACTT TGTTTCAGGC TTTTTCACC ACTTTTGTTT	2940
40	TATTTTTTGT AAAGACGCGC GACTTTTTCT AGGCATAATC GAATTGACAA TGGTACTTAA	3000
	GCTTAAAAAT GGCCCACTTA ATTCAGGCAA TAACAGACTA GGCATGACAT TATTTTTTCAT	3060
	CAATTTAAAT GTGTAAACA TCGATGACAT TGTCTGTTGC TGTTGTCGAT AAACATTAT	3120
45	ATCGTAGCGG TCTGCAAATT CTTTAATGCG ATATGCCGGC GGTACCATGA CAGGTAATGA	3180
	ATCATGTTTG AATTGTTTCGT CTACGGCATC TTTTGAATA GGTAATCCAA AGAAGCCTGC	3240
50	AATACCAATC GTTTCAAAGG GCCCTGCTGC TTCGATATGT CTACGAAATG GTTCTGAACG	3300
	AACATCTATA CAAAATGCAA TTTGCGCTTT CGTTGATGTG CCCATCTGAT TTAGCTCGCT	3360
55	ATTATTTTCA TCAACTGCTT GTGTGTCATT TAACAATACT GAATGTGGCT GATTAGCGTT	3420

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 352:

5	GCGTTGTCGT CGATGATTAA TAAAGTATGG GTATACCATT AAGAATAACG CTACCCAAAT	60
	gAkTGCTAGT GACGTGCCGC CAATGACATC TGAAAAGTAA TGTGCATGAA AATAAAGGCG	120
	ACAAAATAAT ATGCTAAGCC ATAATATTCC CATAACCAAC GCACTCAACA CTTTTGTTAT	180
10	TGTCTTAGCA GCAAGTGAAA TAATAATGAT CATTAAAGGCG AAATATAATA ATGTGCTGGC	240
	GTTGGAATGT CCACTCGGAA ATGAAAAGCC TGTATCAACG GCTAAATGAT TATATGGTCT	300
	TGGACGTAAT ACAGTATCTT TAATTAATTT GTTCATGATG ACACCTGAAA CCAAATATGT	360
15	CACAAACCAA ACCGCTAAAT GCCTCTGTTT AATAAACAGT ATGATTGTGA CGATAATGGA	420
	AATCAACACG ACACCTTTGA CATCTCCAAT TTCCGCACTA AACGTCATAT AGTAATTAAA	480
20	CAAATTGTTA ACATACTGAC GTTGTGGCTC ACCGAAATAA TCTGTAAACC ATGTTAATGA	540
	TCCCATATCT ATATTTTTAA GCCATTCTTG ATTTGTCACT ACACTGTAAA ACATACCTAT	600
	AAATACAATC AGCGCGATTA AAAATAAAGG CACTGTcATT TTCGGTGATG TTAATTTTTT	660
25	ATCTATCATC TTACAATCTC CTCGTATCAT CATTTTCATT TTACAAATGT TATCCATAAT	720
	ATCAATGTGC CACAAATTTT ACTTTACCGA CAATATCAAA ATTATAAAGT TCATATTGTT	780
	ATGTATATTG CAAATAAAAC ATTGTATAAT TGAAATAACA ATATTTTGCT ATTTTCAATT	840
30	TAGTACGATT TATATTTATT ATACAGAGGG GGTAAGGCGT ATCAATAGAG TTATTTTTGT	900
	CTATATAGCG TTAATCATTa CATTAGTTAG ATTCTTTACC CCTATTCATC CATCATTTTC	960
	AAATTTGATT TACTGGATAT TTGTATTATA TTTTATTCTT ATTATACTAT GCGTTATCGG	1020
35	TTTCAAGGCC GAAAACTTA TTGCAACAAT GGTCATTATA CCTAATTTTT TAGGAATACT	1080
	TTATCGATTA TATGCCTACG TCACACATAT ACTCTTTATG TAAAAGGATA GTGGGCATGT	1140
40	CTCGCAACAA ATATGCTTGC GTCGACTTGT CACCATTTCG AAATTTTATG ACATACGCCT	1200
	TTACGGGGCT ATATTCAGAC CCACGCATTC ATCCACGTAA TAAACACATC ATGTAATAGA	1260
	AAAACAGCAC ACCCAAATAT ATGGCGTTGC GCTGTTTAAC CAAGCATACT TCTATAGCTT	1320
45	TAATAAGCCA GCAGAAGCAT ACCTAACCTT CTTAAATATG CTTTTCCAAA TTATCCTCAA	1380
	GTTTGAATAC GATAATACGT TCACCTGTAA CTGTACTTAA ATCACTATGG AAGCTCATCA	1440
	CTTTGATACC TGTAATTTTA AAAATGATAT CATTCAAATC TTGCTCACCC GATTCAAATA	1500
50	ATTGAGAACG TGTTTCGTTA ATATTTAATA ATCCTTCATT CGTACTACAT ACACGATATT	1560
	CAGCTGGCGT TAAGATACCT TGTAAACTAA TAATCACCAT ATCTCTTAAA ATGTCTGATT	1620

55

TTCTYTATTT GTAAaTAACGC TGCAAACATA TCCATAACCC CGCTTCTTAG AGCCCCTTTT 360  
 AATTnATnAA TTAGGGGCTC TTATGCAGTT GGTGCATTAG CAACCAACTG TATTCCTTTG 420  
 5 TCCCCTTTTA ATTTATTaAT TAGGGGCTCT TTTGCTGTTG GTGCATTAGC AACCAACTAC 480  
 GTTCAATTTA ACCGAATAGT TTAAAATTAA ATACAAACCT TAAATTAGTC TAAAACTACG 540  
 CCTTTGGTTG TTCAACAAAG CTCGCCATGA GATTTACAAA AGAATCAACT TGTGGCAATT 600  
 10 GCAACATGCT CGGATCATAA CTCATAAATG TCGAACGAAT CAGCGGTTCA TTATCAATTT 660  
 CTACTTTTTTC AAACCTCAAAT TGTTCTTTGC TGATATTTTT CATCATAATT TCTGGCAAGA 720  
 15 TTGTAACACC TACACCACTA ATCAACATTT CTTTGCAAGT TGCTACTTGA TCCACTGTAA 780  
 TAGTTGCATG GTAATCTTGT TCTAAATTAT CGTTATACCA TTCTTTTATT TGATTTATAT 840  
 AAATCGGATC AGCTTGAAAC TCTATAAATG GTAACCTTGT AACATCATCT CGTCTATTTT 900  
 20 TTGGAAAAAT AAAATAATGA TCATCATTAA ATAAATGTGT GTTAGCTAAA TTCATTACCT 960  
 TATTTCCACG AGTTATCATA ACATGATAAT CTCTATGATT TGCTTTAATT TGTTCAAGTTG 1020  
 AACCAACTTG CACTTGATT TCAACATTAG GAAATTGGGC ATTATATAGG CTCAAAACTT 1080  
 25 CAGGAAGTAA GGTTTGTCCA ATCAAAGAAG AACACCCGAT TGATATTGTT CCATTCACTT 1140  
 CACCAATATG TGCCTGCATT TTGTCAAAAA ATAATCGCTC TCTTTTCAAC ATGTCACGAG 1200  
 30 CATGCTCAAT AATCATTGTT CCTTCAGTTG TTGTAATCAA TTGTTTTTTT GTTCTGATAA 1260  
 AAATATCTAC TCCAAAAGCA TTTTCAATAG CTTTGTAGTCT TTGTGTAACA GCAGGTTGAG 1320  
 ATATATATAA AATTTAGCC GCTTTACGTA ACGTTTTCTG TTCGTCTAAT GTTATTAGTA 1380  
 35 AACGATAGTC TTCAATCTTC ATAATTTCCC CCCATAAATT ATTCAATTAT TGAACCTTCA 1440  
 TGGCTACAAG CATTATGAG TTCATTACTA ACGAATAATT TCACCAATTT TATTGGTATG 1500  
 GCTGCAGCTT GAATTACTTA GTTTTTCTTT TGTGTTGGT GATTTTTAGT TTGATTATAT 1560  
 40 TGCTTAGGCT TTATTTGTTT GCTTTTTTCA ATATTAGTTT TATTTTGTGG CTTTGTATGA 1620  
 TTTTTTTGAG CTTTGCATT AATTTATTA AAGCAGTACA TGATTTTCTT TTGGAATCCT 1680  
 45 TTAAAATCAT TTTCTAACTC TGCCATAATT TGATGTGCAA TCATATATGC TTCATGAAAT 1740  
 TGCTTTTTTG TAATTGCTC ACTTTCTAAT GCAAACATTA AATCATCTTC ATCTACCAAC 1800  
 TCATaTcACC ACTTGG 1816

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 352:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 9956 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

	TTAATAATAA AGGAGCGTTA TAGTGAATAT CATCTCAACA ATTtTAATCA TATTTGTGGC	600
	ATTAGAGTTT TTCTATATTA TGTACCTTGA AACGATTGCT ACAACTTCCA AAAAGACTAG	660
5	CGAGACATTT AATATAAGCG TCGATAAATT GAAAGACAAA AATATTAACC TACTTTTGAA	720
	GAACCAAGGC GTATATAACG GTTTAATCGG AGTTTTGCTA ATATACGGTT TGTtTATCAG	780
10	CAGTAATCCA AAAGAAATAT GCCGAGCTAT TTAGTGTAT ATCATTGGCG TTGCTATTTA	840
	TGGTGGCCTT TCAAGCAATA TTAGTATCTT TTTCAAACAA GGCACATTGC CAGTATTGGC	900
	ACTCATATCA ATGCTTTGGT AAGTATTGGT GTTTGGGGGG GTGGAGATGT AGTCGGAGGT	960
15	TTGGAGGATT TGAGCGAATT GTGTGTGGAC TTTAGACTCA GAGTATTTCA TCCTAATTAT	1020
	TTCAAGCAGA GGTGACAGTA GCGTTGCCTC TGTTTCCTTA TAAAAAATT ATTTAATGAA	1080
	GAAAACCCAT ATCTGATTTA ATTTTCAGCT GATAAATACT CCATATATTA GAATGGCTAC	1140
20	TTTATCTATT GCATCAATCC TTTAAAACAA AAAACCCATG ATTTGGAAT TCCCGTATGA	1200
	TGGGGTTCCT ACTCTCATGG ATCAGTTAAA TAAATATTAT CACTATCAGT TTATTATTTT	1260
25	AATATTATTA ACAATATATG TAGTCGTAAA AGGAAAGAGG ACATGAGAAC TTCGGTGTG	1320
	ATTGGCATTa CATAACGCTT CCAAACATAT TATTTGGTAA CAATAAGAAA CTATTTACAC	1380
	AATATATTTT GTATAGTAAA ATTATTTTAT AATATTTAAA TCCAATTGCA CAAGGAGTGA	1440
30	TTATCaTGGT ACCAGAAGAA AAAGGTTCTA TTTCTTTGTC AAAAGAAGCA GCTATCATAT	1500
	TTGCAATCGC AAAATTCAAA CCATTTAAGA ACAGAATTAA AAATAACCCA CAAAAACAA	1560
	ATCCATTTCT TAAATTACAT GAAAACaAAA AATCTTAATC ACTTTtATTT ATAGCaTTTC	1620
35	TAATCTCAGA AATGCTATA	1639

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 351:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1816 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 351:

	AAAAATCGCAT ATAGTAATAT GAATAACCAG ATTGTATCTA CAAAAAAGTA TATTGAAAAA	60
50	CCAAGCGCAC CCATTAATAA TGCGAGAATA ATAATAATTT TTCTATTAAA GTGATGCGTA	120
	TCCGAAAATC TAGCAATAAT TGAATTTACT GTAACTGGC TAATCGCTGC AGATGCTAGA	180
55	AGTAATCCAT ACTGATTTGT TGTCATACCT AAATCTTTAG TTGCAAAAAG AACAAGATAT	240

GAGTCACTTC TCATTTGTTG ATGATGTCTT CTTTATTAAT AAAATACCTG AAGGCTTAAC 1320  
 ATTTGATCAT GCATTTGAGT GTGTGGGTGG T 1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 349:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 411 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 349:

TCATCAAGTC TACGATAAAT TAAGTCCATA TCTAAAGGCT CGGGGTCGAC AGTTTGTAAG 60  
 GTATAACCAA CTGCACAGTG GCTACAACGC ATATTACAAA GATTTGTAGT TGTAATTTCG 120  
 ATGTTACTTA AAGTTAATTG GCCATGTTCT TTAACATCGT TATATGCTTC CCATGGGTCG 180  
 TTTTGAATAC TTATTTTAGG CTTGTTATTA CGCATTTTAT AAACCTCCTTA ATTGTTATTT 240  
 GATACCAATT TGATACCGTT TAATCAAATA TGCTCATAGC TTGATGTTTT TTATCAGTAT 300  
 ATAAATGAGA GTACGTTTGA ATTGTTTCTG TAATGTTAGA ATGCCTCATT AATTCCATTA 360  
 ATAAATACAT ATCTACACCA TTATTAAATTA AaTAGCTAGC GTACGAGTGT G 411

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 350:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1639 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 350:

TCATTTTCAT AGGTTATTAC GCAGATCAGC ATAATAATCC ATTCCATATG AGTcCTTATT 60  
 TTGGTTATGC AGCACGTCTA TTGGCAACAA GTGGCATTGA CTATACGTAT GTAAGAATGG 120  
 CAATGTACAT GGATCCACTT AAACCATATT TACCAGAATT GATGnATATG CATAAACTGA 180  
 TTTATCCnGC TGGCGATGGT CGTATTAATT ATATTACTAG AAATGATATT GCTAGAGGTG 240  
 TCATTGCTAT TATTAAAAAT CCAGATACTT GGGGCAAACG CTACTTATTA TCAGGCTACA 300  
 GTTATGATAT GAAAGAACTT GCTGCAATTT TATCTGAGGC ATCaGGCACA GAAATTAAAT 360  
 ATGAGCCCGT TTCATTAGAG ACATTTGCAG AAATGTATGA TGAACCTAAA GGCTTTGGTG 420  
 CATTATTGGC ATCAATGTAC GACGCAGGAG CAAGAGGACT ATTAGACCAA GAaTCCAATk 480

TCAAATATCA ACAAGCACAT TTTCATTGAT TAAGTGATGT AAAACTGAAA TTATTGTGCT 1860  
 GATTTGTCAT ACATATATTG ACTAATGGGC ATATAAAAAG ATAGCCTCTA ATAGTnACAT 1920  
 5 AAACTCGTAA AAnCC 1935

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 348:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1351 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 348:

CCTTTnCTTA AACAAATTTTT AGATTTAGAC AACAAACCGA TTTTAATCCA TACATTAGAA 60  
 20 AnATTTATTT TAATTAATGA TTTTGAAAAA ATTATTATCG CGACGCCACn ACAATGGATG 120  
 ACGCATACGA AAGATACACT TAGAAAATTC AAAATTTCTG ATGAAAGAAT TGAAGTCATT 180  
 CAAGGTGGTA GCGATCGTAA CGATACAATT ATGAATATCG TTAAACATAT TGAATCAACA 240  
 25 AATGGTATTA ACGATGACGA TGTCATTGTG ACACATGATG CAGTTAGACC ATTTTTAACG 300  
 CATCGTATTA TTAAAGAAAA TATTCAAGCT GCTTTAGAGT ACGGTGCACT AGATACAGTG 360  
 ATTGATGCTA TAGATACGAT TGTTACATCT AAAGATAATC AAACGATTGA TGCAATTCCA 420  
 30 GtGCGTAATG AAATGTACCA AGGTCAAACA CCTCAATCGT TTAATATTaA TTTATTAAAA 480  
 GAaAGCTATG CACAGTTGAG TGATGAGCAA AAGAGTATTT TATCTGATGC TTGTAAGATT 540  
 35 ATTGTAGAAA CAAACAAACC GGTTCGACTT GTAAAAGGTG AGTTATATAA CATTAAAGTA 600  
 ACAACACCTT ACGATTTAAA AGTAGCGAAT GCTATTATTC GAGGTGGTAT TGCCGATGAT 660  
 TAATCAAGTA TATCAATTAG TTGCACCTAG ACAATTTGAA GTTACGTATA ACAACGTAGA 720  
 40 TATTTACAGT GACTATGTCA TTGTACGTCC TTTATATATG TCAATTTGTG CTGCCGATCA 780  
 AAGATATTAT ACTGGTAGCC GTGATGAGAA TGTCTTATCT CAGAAATTGC CAATGTCCTTT 840  
 AATTCATGAA GGTGTTGGTG AGGTCGTATT TGACAGTAA GGTGTGTTTA ATAAAGGTAC 900  
 45 AAAAGTAGTT ATGGTACCGA ATACGCCGAC AGAAAAAGAC GATGTCATTG CTGAAAACATA 960  
 TTTAAAATCG AGCTACTTCA GATCAAGTGG ACATGATGGG TTTATGCAAG ATTTTGTGTT 1020  
 50 GCTAAATCAT GATAGAGCTG TACCACTACC TGATGATATT GATTTAAGTA TTATTTTCATA 1080  
 TACAGAGCTT GTAACAGTAA GTTTGCATGC TATTCGTCGT TTTGAAAAGA AATCTATTTT 1140  
 AAATAaAAAT ACATTTGGTA TTTGGGGTGA TGGTAACTTA ggTTACATTA CAGCCATTTT 1200

	ACATGATAAT GATGACGCTA TTAAAACACG TTTTTTATTT TTCATTGTGA TAACCTTCTT	60
	TCGTATGATT GATATTTGTT GATATGTATC GACATGTGAA TAATATCACA AAAACAGAGA	120
5	ATATATATTT AACTATTTAT TAAATGATTT TGTTAATATT ATTAAATACT TTATCCTCTT	180
	TAAAAATAAT GTGTGTACAA AGTCATTAAT TTAGCAAATA TTTTATTTA GTAGTTAATA	240
	ACCATCGATT TGAAATTTAT ATATAATTAT TAGCTAAATA ATATCCTGCA TCTTTCTCAT	300
10	ACAATTTACT ATAAAtTagC ATATCCGATA TCAGCGTTAA TAAGATCGTT GATACTAGmC	360
	AGTTAATTTT ATAGAACGAA ATCAAATAAC ACACTACTTT CTGCATTTTA AATTATGTTT	420
15	AAGAATCAnA ATTATGTTTA nATAAATATA TATACTACTT TGAAAGGTGT GAGCTTAATG	480
	ACAACTTTTA GTGAAAAAGA AAAAATTCAA TTACTAGCAG ATATTGTTGA ACTACAAACT	540
	GAAAATAATA ATGAAATAGA CGTTTGTAAT TATTTAACAG ATTTATTCGA CAAGTACGAT	600
20	ATTAAATCTG AAATTTTGAA AGTTAATGAA CACCGCGCCA ATATCGTTGC AGAAATCGGT	660
	AACGGCTCAC CTATACTCGC ATTGAGTGGT CATATGGATG TTGTTGATGC AGGAAATCAA	720
	GATAATTGGT CATATCCCCC TTTTCAACTG ACAGAAAAAG ATGGCAAATT ATATGGCCGA	780
25	GGCACTACAG ATATGAAAGG CGGTTTAATG GCTTTGGTCG TATCTCTAAT CGAATTAAAA	840
	GAACAAAATG AATTGCCTCA TGAACGATT AGATTACTGG CTACTGCTGG CGAAGAGAAA	900
30	GAACAAGAAG GTGCCAAATT ATTAGCTGAT AAAGGCTATT TAGACGATGT CGATGGCTTA	960
	ATTATTGCTG AACCAACTGG ATCTGGAATT TATTATGCAC ATAAGGGGTC TATGTCATGT	1020
	AAAGTAACTG CAACTGGTAA AGCTGTCCAT AGCTCAGTTC CATTTATTGG TGACAATGCA	1080
35	ATTGATACAC TGCTTGAATT TTATAATCTA TTAAAGAAA AATATTCAGA GCTTAAACAA	1140
	CAAGATACTA AACATGAATT AGATGTTGCG CCTATGTTCA AATCATTGAT TGGAAAAGAA	1200
	ATTTCTGAAG AGGATGCAAA TTATGCATCT GGTCTTACAG CTGTATGTTT GATTATAAAT	1260
40	GGCGGcAAAC AATTTAACTC TGTACCAGAT GAAGCTTCAC TTGAATTTAA CGTAAGACCA	1320
	GTCCTGAGT ATGATAACGA CTTTATAGAA TCGTTTTTCC AAAATATCAT TAATGATGTG	1380
45	GATAGCAATA AGCTTTCACT CGATATTCCA AGCAATCACC GACCTGTAAC AAGCGATAAA	1440
	AATAGCAAAT TAATTACTAC GATTAAAGAT GTAGCTTCTA GTTATGTAGA ACAAGACGAA	1500
	ATATTTGTTT CAGCGCTTGT AGGCGCAACA GATGCCTCTA GTTTCTTAGG AGATAATAAG	1560
50	GACAATGTTG ATTTAGCCAT TTTTGGACCA GGTAATCCAT TAATGGCACA TCAAATCGAT	1620
	GAATATATTG AAAAAGATAT GTATCTGAAA TATATTGATA TTTTAAAGA GGCTTCCATT	1680
55	CAATATTTAA AAGAAAAATA AGAACGATGC TGTCAGCTGC CCTATTCGCG TGCTGGCAGT	1740



## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 346:

5 TACAGTAGGA ATCATAAAAC CTAATACAAC AAATACAAAA CCATTTAAGG CATAACTAAA 60  
 TGTGTTCCAA ATTTGATGGT AATTCATTTG TAGTTCCGTT TGTGCTCTAA TTAAACGGTC 120  
 10 GCGTTCTAAA CCATGGATTA GACCTGCGAT TACAACTGCA ATGATACCTG AAGCATGAAC 180  
 TTCTTCTGCT AAAAAGTATA CGACAAAAGG AGTTAATAAT TGAATAAAAG TTAAGGTATT 240  
 GTTATCTTTT AAACCTTTAT TAGCGGTAA GTCTATACGT ATTCTAACGA CAACGAATCC 300  
 15 AATAATTGCA CCAATAAGTA CACCTAGTAT TGTTGAAATG ATAAATTGTT CAACAGCTTG 360  
 GAATAATGAA AAGGTACCAG TTAATAATGC AGTAACAGCA ATTTTAAATG AAATGATACC 420  
 TGCTGCATCA TTGAGTAAAG ATTCACCTTC TAAATCGTC ATAGAACCTT TAGGTAATAA 480  
 20 TTTTCCGCGT GTAATAGCAG ATACTGCTAC TGCATCAGTA GGACATAAAA TTGCTGCTAT 540  
 TGCAAAAGCG GCTGGCATTG GTAAGGCAGG CCAATCCAA TGTATAAAAT AGCCAACACC 600  
 25 GACTACAGTT GCAAACACTA GTGCCATTGA CATTAAATAGT ATAGGTTTAC GATATTCTAA 660  
 TAATTTTGTG CGAGAGACGT GGGTACCTTC CACAAAAGT AGTGGCGCGA TAACGGCAAA 720  
 CATAAATACT TCAGAATTGA ATTGGAAATC AACTTGTATT GGAATAATGA AAATAACGAC 780  
 30 ACCTAATGCA ATTTGAATAA AGGCAGTAGG AATTTGTGGG AATCGATTAT TGATAACCGA 840  
 ACTAATAATC ACAGCAAAAA TAAAAATTAA AAATGCTTCT AATAGTGCCA TACAATACTC 900  
 CTCAAAATTT TAATAGTTAA TATTTTATCA CTTTAAAGGC ATAATGACAT AGATATATTG 960  
 35 ATAAATGAA GTTATTTTCA AAAAACTCT AGTATCGGTT GAACTGATAC TAGAGCGAGA 1020  
 TGTTTAAATT ATTGATTGTC ATATCTGAAA TGACCGCTGT CATTTTGTCTG TTGTTTCATC 1080  
 GCGAGCTTTT CAGCATTTCGT TTTGTATTTT TtATAAAAGa AAAATAaAAA TATnaACCaG 1140  
 40 AATGGCGAAA TATAAATAGC TGCTCTTGT TCGTCACTAA AGAATAATAA AATGAATACA 1200  
 AAGAAGAAGA ACGCTAGAAT AATGTAAGCA ATAGGCTTAC CACCAATCAA CTAAATTTA 1260  
 45 CTGTTTTTAT GTGCCTCAGG ATGCTTTTTT AAAT 1294

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 347:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 1935 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

CTCTTTAATA CGCGTTATCG CTTTTTGTA ATCTGCATCA TGATAACAAA TCATAACGCC 180  
 ATAGCCACCT GCTGTCGGAA GATCATCTCC CGGCTTAATT ACTAACGGGA ATTCCCAATT 240  
 5 CTTAATCTCG TTTTCGAATT GCTCAATTTT TACAACTTTT CTTTTTGGTA AAAACTTCCC 300  
 ATTTGTCCAT TCAGGTATTC TTGCTTTATT ATTTAAAGCA ACAAATAACG TTTTATCTAA 360  
 TGCATAATAT TGCTGATTCA AGATTGTTTC ATCATGAATA TATTGAAAAT AAATCTTTTT 420  
 10 ATTTTCCTTA TGTGCCAATT GTTTGATCAA GTTTTCGTAA GATTGCTGAT TGTAAATGT 480  
 ATAAATTGAG TTCGGtACTT CCTTACCAAT AACTTGAAAT AGCTGATGCA ATTTGTCTGT 540  
 CGCACTAGCT TCGTGAACAA TAACAGGTAA TTGATTGCT ATTAATAACT CCCTACCAGT 600  
 15 TAAAAAATTA GATTGATGTT CGTCCGGTTT CAACCATGGA TTCGATATAT ACGAAGGTCT 660  
 TGACGTATAG ACAACATCTT TGTCATATAA ATCACTTAAC GTTAAGTTCG GCTCATTACC 720  
 20 ATTATTTGTC ATTACTTCCC ATTCCCTTTC AAATGCGCAT GCTCTTCAAT AATGTCTTGA 780  
 TAAACGTCTT GATTTGTAAT TAACTCTAAC CCCATCAACG CCATTATTTT AGCGCCTTTA 840  
 ATTAATGCTT CATCACCATG TACACTCGCA GCCGCTTCTC TAAATCTATG CGTATGTCCT 900  
 25 ACTAAATTAC GTGATCCTAT TTTAATATGA GGATGTATTG TTGGCACAaC ATgaCTTACG 960  
 TTCCCTGTAT CCGTAGAGCC ATAACCAAAA TCATCATCAA TAACTGCTTC ACCAACTTCT 1020  
 TCAGCATATT TAGCAAATAA ATCATCTAAT TTCGGCGTTT TAATGAATTC ATTCACACCG 1080  
 30 TTTTGAATTC GACCAAATTC ATAATCACAA CCAGTCTGTA TCGCAGCTCC ACGTGCGATT 1140  
 TGATTACTT TTTCTGTAA TATATCCAAT TCTTTACGCG TCATTGCTCT AGTATAAAAA 1200  
 CGAGCATGTG TATAGTCTGG AATAATATTA GCTGCTTTC CGCCATCTAA AATCACACCA 1260  
 35 TGCACACGTT GATCTTTTTT AATATGTTGT CGTAGTTGTG CTACACCATT AAAATAACTA 1320  
 ATCATAGCGT CTAATGCATT TAACGCTTCA TCTGCATTTT CAGAGGCATG AGCACTTTTT 1380  
 40 CCGTAAATTA TAACATCTAA AACATCCACT GCCAAAGTAT CAATCGTTTT ATAAGTTTCA 1440  
 TTTCCCGGAT GAATCATTAA GGCAATGTCT ATTTGATCAA TCACACCAGC CTTGACATAA 1500  
 GAAGCTTTAG CGCTACCATT TTCCCCACCT TCTTCAGCTG GACATCCAAG AACGACTACT 1560  
 45 TTACCACCAA TTTGGTCAAT CACTTGCTTC AAACCAATTG CACCAAGAAC ACTTGCAATT 1620  
 CCAATGATAT TATGACCACA AGCATGACCC AATCCTGGCA AAGCATCGTA TTCTGC 1676

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 346:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1294 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

	ATTTCTGTGA GTATTGGAA GCTACCATTA GGCAACGGTT TAACAATAGA CAATTGCTTT	2460
	TCCGCTTGTT GTATTAAAA AGGTTTTGTA GATTGATTAT TAATATGCCA TTCATCATG	2520
5	TATGTTTTTC ACTCCTGCTT TAAAATAGGG TTAGAAAGTT TATAGTTGAG ACATTCATGT	2580
	TCAACCAAAA TTTGTTCGA ATTCAATAAA TGTCTGTTT AAAATAGAAA TATTGTAAAT	2640
	GTTATCGTCC AAAACTTCAC CAGTTAAGTA TTTGTTTTGA ATTAAAAATT GGCAGTTAGT	2700
10	TAAGAAGTCT TGATAATCAC GATCGCAAAA ATAGTTTTCA CGTGCATCTT TAGCATCGCC	2760
	AAAAAAGTTA GCGACTGTTT CTGTTTCTCC TTTATTGAA CGTTCAATAT ATAATTGTA	2820
	AAATTTAGCT ATTGTATACT TTTGTTCTTT AGTTAGTTCA TTCAAATAT TGGGCCTCCT	2880
15	GAAATATCAT TTGTAATCTA TACCCAATTT ATTGCAAAAC AAAAATAAT TTAATATTT	2940
	GATGAACTG TGTTAATAAG CTTTAACAAG CCTTAGTTTG TATGGATCTA TAAAATTATC	3000
20	TTTAATTGCA TAGGGTGAAA TAATATGTAG TCCATAACTT TTAAGTATT TTTCACTTAC	3060
	ACCAAATTTA TAAGCTTGGT AGATAATTTT AGTACAATAC GTAAATTTTT TGCTGTTCAA	3120
	ATTTAATGTA ACTAGATAAC GATGATTTGT ATTCTCATAG TTTTCTTAA CCCATTCAGC	3180
25	CGCTTTTTTA CCTGCACCAG GATAGCTGCA ACGATAAACT TTCATCCAAT CATTTTTGCC	3240
	ACTTGCAATA TTATATTTAA AAGATTGCA GGATTGTGTA GTTGGTTTGT CGCCAGGCCC	3300
	CTCAATTTGT AAAATCGTTT TATCATCAAT CGCGATACTA CAATGACCAA AAAATCSCA	3360
30	CATGACAGGG CCTTTGTAA CAATAATATC ACCAGGTTGT AATTGGAATT TGTCATCTTG	3420
	AATTTCTGAA TACTTATTAT CTGCAATTGT TTTGGTGAG TTTATTGGGG ATACGACAAC	3480
35	GAATAATATA AGTAAATTA TCGTTCGTTT AATATAGTTC ACTTAAAAGC TCCTTGTTGA	3540
	AGAAATATAT GTAAATAGTC TTAAATTAGA ATTGTAATCT TTAATAAGCT TGTAAGACTA	3600
	AAACATATCT TAAATATTAA AGTATGAGAG TGTGAAATGT CTATTAAGAA TAAAAACAG	3660
40	TCTGAAACAT CATTGAGACG TTCCAGACTG GATATAAAAT GAATTCATT TATAGCACA	3719

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 345:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1676 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 345:

TTGCGTTGCC GCACCAAGAT ATTGAATGCC TAGCGATTCC GAGTATGCAA ACTGAACGCA 60

ATCGTTTCAA TATTACTTAT AGGGATGGCT ATCAGTAATG TTTCGAAAGG GCAATACGCA 660  
 AAGAGGTTTT TCTATTTTCGC TACTAGTTGT TTAGTGTTAa CTTTAGTTGT AGTTTCAAGT 720  
 5 CTAAGTAGCT CAGCAAATGC ATCACAAACA GATAATGGCG TAAATAGAAG TGGTTCTGAA 780  
 GATCCAACAG TATATAGTGC AcTTnCAACT AAAAAATTAC ATAAAGAACC TGCGACATTA 840  
 ATTAAAGCGA TTGATGGTGA TACGGTTAAA TTAATGTACA AAGGTCAACC AATGACATTC 900  
 10 AGACTATTAT TGGTTGATAC ACCTGAAACA AAGCATCCTA AAAAAGGTGT AGAGAAATAT 960  
 GGTCTGAAG CAAGTGCATT TACGAAAAAA ATGGTAGAAA ATGCAAAGAA AATTGAAGTC 1020  
 15 GAGTTTGACA AAGGTCAAAG AACTGATAAA TATGGACGTG GCTTAGCGTA TATTTATGCT 1080  
 GATGGAAAAA TGGTAAACGA AGCTTTAGTT CGTCAAGGCT TGGCTAAAGT TGCTTATGTT 1140  
 TATAAACCTA ACAATACACA TGAACAACTT TTAAGAAAAA GTGAAGCACA AGCAAAAAAA 1200  
 20 GAGAAATTAA ATATTTGGAG CGAAGACAAC GCTGATTCAG GTCAATAATG CTCATTGTAA 1260  
 AAGTGTCACT GCTGCTAGTG GCACTTTTAT AATTTTTAGA TCACGATATG ATTTATTATC 1320  
 AATTCAGAAT TAAAAAAGTA AATAGTATCA AAAGTAAGTG TATTTAATAT TAGAAAATAA 1380  
 25 AAATTTTAAA TTTAGTATTA AAATGGAATG TTAATATATA GTTCAATGTG TATTATCACA 1440  
 GAAAAATAAA TAATGCTTTA CTTCTATATT TAAAAGTGTA TAATGAAAGT TAAGTAATAA 1500  
 AGAGCGTGAA GAAAAATGTG AGTTATTTAT ATAGAATATT CTCCTTTTCA TTTATGAATT 1560  
 30 TGTTACAAAA TATTTAGTGC AAAAGCACGA cGGAGGTATT CAATATGaAT AACGGTACAG 1620  
 TTAATGGTT TAATGCAGAA AAAGGTTTTG GTTTCATCGa AAGAGAAGAT GGTAGCGACG 1680  
 35 TATTCgTACA CTTCTCAGCA ATCGCTGAAG ATGGATACAA ATCATTAGAA GAAGGCCAAA 1740  
 AAGTTGAATT CGACATCGTT GAAGGCGACC GTGGCGAGCA AGCTGCAAAC GTAGTTAAAA 1800  
 TGTAATTTTA ACTTATTCAA ACAGTCCTTA CTATAGGGCT GTTTTTTTAT GCTTTAAATC 1860  
 40 GATAACAGTT GGTGTGGTAA AAGCACTAGC CGTTATTTTT TTGTCCAATA AATTTAGTTG 1920  
 GAGATTTAAC AATATATAAT GGTTCATAAA TAAATCGAAC TGATGGAAAA GTTTTTTACT 1980  
 TTTTCATCTGT CCGACTTTTG ATTTTGAATA TAAAAAGCG CCAATACAGA ACTTTAATAA 2040  
 45 TGACGAGAAT TAAAGTCTGT ATATGGCGAT AACAAGAAGT AATGTTAAAC ACTCAAAATG 2100  
 TTTAACAATA ATAGGATACC ACATCGCATA ATATCTTACT ACTTAATTAA TAATTTAACT 2160  
 AATCAACTTT TTGTTAATTT TTTATTAAGA CTGATTAATT ATTGAGAATA TTTATTGTTT 2220  
 50 TTAAATCTC ATAATAATTC AGTAATCTTG TTTTCATTTA AAAGGCGAAA CATTAAAATA 2280  
 ATTAAATAAA AATATTGCGT TTAATTTACA GCGTCAAATA TACTTATTC TAATGCTTTG 2340

55

	ATTAGTTGTC ATTACTCCTG CAGCAGGATA TGTAACATAT CTTAGTGCAA CAATAATGGC	2400
	TTTAATAGGA GGTATCTGTT GTTATATTGT CATTAATTAC ATCAAGGTAA AACTAAAATA	2460
5	TCATGATGCA TTAGATGCAT TTGGTATTCA TGGTGTGGT GGTATTATTG GTGCTGTTTT	2520
	AACAGCAGTT TTCCAAAGTA AAAAAGCCAA TCCTGACATT GAGAATGGCT TTATTTATAC	2580
10	TGGTGACATA CATATTATAC TTGTACAAAT ATTATGTGTA ACAGCAGTTG TAATTTTATG	2640
	TATAGTCATG ACGTTTATTA TTGCGAAAGT AATTAAATTa ATTACACCAT TATCTGTTAC	2700
	GGAACAAGAA ACGAATATAG GATTAGACAA GATTGTTCaC GGTGAACATG CTTACTTTGA	2760
15	AGGTGAGCTA AATAGATTCA ATAAACATAT TCGATATTAG AATATATTTA CATAGAATAT	2820
	TCATTGTCCT GACATTTAAC TAAAGGTTGA TGTTGGGACA TTTTGTTATA CAAAAGTTTT	2880
	ATTTTGAAAT CTTTTTATGA AAGAAGCAGA AATATTATTT AAAGCGGTTA CACATATGCT	2940
20	AAAATAAGGC TAAGTGTCAC AAATAATGAT AGGTGAATAA GTATGAAAAA TATATCTGAT	3000
	ATTGCCAAAT TGGCAGGCGT TTCAAAAAGT ACAGTATCTA GATTTTTTAA TAATGGATCT	3060
	GTCAGTAAAA AAACAAGTGA AAAATTAACA AGAATTATAG CAGAACATGA CTATCAACCG	3120
25	AATCAATTTG CTCAAAGTTT AAGAGCGAGA	3150

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 344:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3719 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 344:

	GTTATAGTGA AATTGACTCA TCACATTTCA CAGACCGTGA CAAACGCGTT ATTAGACGTG	60
40	ATCATGTTAA AGAAGCACAA AGCTTAGTAG AGAACTATAA AGATACACAA AGTGCTGATG	120
	CTAGGATGAA AGCCAAACAA AAAGTTAACA CATTAAGCAA ACCGCATCAA AACTATTTCA	180
45	ATAAACAAAT TGATAAGGTT TATAATGGAT TACAACGCTA ATCCAAAGTA AATTATAAGT	240
	TATACATCTC GTTTTAAAT GACAATTTAT CCCCCTAAAT ATTATAAATA ATCTTTTCAA	300
	ATTCCACATA GATATAGAGA CACTAATAAA CCTCTTTGTC TCGATATGAT AGTCTGCAAC	360
50	GATTCATGTT GTAGGCTTTT TAATTTTACA AATAAGGCTA AATATATAAG TTCTGGCACC	420
	TAAAATATAG AAAATACATA AAAGTAAGTA TAGTTATTTT ATTATAATTA TTAAATTTT	480
55	ATTAATTAAT TGTA AAAATG TATAATTATA ATTAATTAAC GTTAAATATT AAAATTAAC	540

AGGTATTAGA TATTACCTTT TCGAAAAACG ATACCATCCA TTTATTGCAG CAATTGTAAT 600  
 TGGACTTATC GCACTCTTAG CTGGCCAAT GAGTGCATCA ACTGGAAGAA ATGACGGTTT 660  
 5 AGGTATAACA ACGCCTTCAG CAAATTTAGT ACACTTTTTG ATTACAGGTG AAATAAATT 720  
 TATTGATTGG GGTGTCTTT TAGTTCTAGG AATTTTCATT GGTTTCATATA TTGCAGCTAG 780  
 AGGATCAAGA GAATTTAAAT GGCATTGCC AGACAAGATT ACAATACGAA ACAGTGCCAT 840  
 10 TGGTGGCATA TGTATGGGAT TTGGTGCCTC AGTTGCTGGT GGTTGTTCTA TCGGTAACGG 900  
 TTTGGTTGAA ACGGCAACGA TGAATTGGCA AGGATGGATT GCGCTAGCAT GCGATGATAG 960  
 TTGGTGTATG GACAATGAGT CATTTTATCT TTGTTCTGCC AATGAAAAAA GTACACCAAC 1020  
 15 AATCTGCAAA GGTAAACAG CAAACGCAAA TAGTATAGAA GATTATTATG CAAATGATGT 1080  
 TGATCAAATA AAAGTGATTG GAAAAGGAGA AATAATTATG ATACACGAAT TAGGTACAGT 1140  
 20 AGGAATGGTA TGTCCATTTT CGTTAATTGA AGCGCAAAAG AAAATGGCAA CATTGCAATC 1200  
 TGGAGATGAA TTAAAAATTG ATTTTGATTG CACGCAAGCG ACGGAAGCCA TTCCAAATTG 1260  
 GGCTGCAGAA AATGGTTATC CTGTAACAAA CTATGAACAA ATTGATAATG CTTTCATGGAC 1320  
 25 AATTACAATT CAAAAAGTTT AACGTTATCA TTTTAACAAT AAAATAGATA TTAGATTCTA 1380  
 TGGCTACTTC CGCTAATTTA AAAGTGAGTA AGTAGTCTTT TTTTTTTATG TTCATGAAAT 1440  
 CATTTTTATA TAGTGTGGCA CATTTTATTC CAAAAGATGT AATAAACTT AACGCATTTT 1500  
 30 TGCTTTTTAT AAATTGTCAG ATTATTATGA AAAAAAGGGA GTGGTAAGTA TGAATCTTAA 1560  
 CGATACGATA TTTATGTTTT TGTGTACATT ATTAGTTTGG TTAATGACAC CAGGATTAAG 1620  
 TTTATTTTAT GGTGGGTTAG TTCAATCTAA AAATGCGCTT AATACTGTCA TGCAAAGTAT 1680  
 35 GGCAGCAATT GTGCTGTGA CATTTGTATG GATAACAGTT GGTTTTACAA TTAGTTTGG 1740  
 GAATGGGAAT TTATGGTTTC GAAATTGGGA ATATACTTTT CTTAATCATG TAGGTTTTGC 1800  
 40 GACTCAAGAA GATATTAGCC CACATATTCC TTTGCTTTG TTTATGTTAT TTCAAATGAT 1860  
 GTTTTGTACG ATTGCAATTT CTATTTTATC TGGTTCAATC GCTGAGAAAA TGAAGTTTAT 1920  
 TCCTTATTTA TTATTCGTAG TAATATGGAC TGCTCTTGTA TACAGTCCAG TAGCACATTG 1980  
 45 GGTTTGGGGC GCGGTTTGA TTAACAACT CCGTGTATTA GATTTGCTG GAGGTACGGT 2040  
 TGTTTCATAT ACATCAGGTG TTTCTGGTTT AGTATTAGCT ATTATGATTG GAAAAGGAAA 2100  
 CAAACATTCT GAATCAACAC CACATAATCT TATCATACG TTGAATGGCG GTATATTCGT 2160  
 50 GTGGATTGGT TGGTATGGAT TTAATGTAGG TAGTGCTTTT ACATTTGATA ATATTGCGAT 2220  
 GCTTGCAATTT ACAAATACTG TCATTTTCAGC CAGTGCAGGT GCTATAGGTT GGTTAATTTT 2280

55

AATCTCGAAA AGTTAAGGAC GTTATAAACG ACGTAGATTA TTTCCATGCT TTAGATCGAT 3120  
 TGAGCTTAGC CAAAGAAATT AACAAACGTG CAGAACATAA AATTAAATGT TTCTTGCAAG 3180  
 5 TGAACGTTTC GGGAGAAGCT TCTAAACATG GTATTGCTTT AGAAGATGTT GATCAGTTTA 3240  
 TAGATGATCT TAAAAAATAT GACAAAATCG AAATTGTAGG TTTAATGACG ATGGCACCAT 3300  
 TGACAGATGA TGAAGCATAT ATTAGATCGT TATTTAAACA GTTACGTTTG AAAAAAGAAG 3360  
 10 AAATACAACG ACTCAATTTA GAATATGCGC CTTGTGATGA ATTATCAATG GGAATGAGTA 3420  
 ATGACTATCT TATTGCAGTT GAAGAAGGTG CGACGTTTGT TAGAATTGGG ACTAAACTTG 3480  
 TAGGAGAAGA GGAGTGAGCC ACTTGGCTTT AAAAGATTTA TTTAGTGGAT TTTTGTGAAT 3540  
 15 AGATGATGAA GAGGAAGTAG AAGTACCTGA CAAACAACAA CAGGTAAATG AAGCGCCAGC 3600  
 AAAAGAGCAG TCACAACAAA CAACAAAACA AAACGCAATC AAATCAGTCC CTCAAAAATC 3660  
 20 TGCATCAAGA TATACAACAA CGTCAGAAGA AAGGAATAAC CGTATGTCTA ATTATTCAAA 3720  
 AAATAATTCA CGTAATGTTG TAACTATGAA CAATGCTACA CCAAACAATG CATCACAAGA 3780  
 AAGTTCAAAA ATGTGTTTTAT TCGAACCACG TGTTTTTTCA GATACACAAG ATATTGCTGA 3840  
 25 TGAGCTTAAA AACCGCCGTG CGACACTTGT CAATTACAA CGTATTGATA AAGTATCAGC 3900  
 GAAAAGAATT ATTGATTTTT TAAGCGGTAC T 3931

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 343:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3150 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 343:

40 AATTGTCGGG GGA CTCTTAG GTTTGTCAT GCAAAGAACA AGATTTTGTT TAACAGGTGG 60  
 CTTTCGAGAT ATGTATGTGC AAAAGAATAA TAAGATGTTT TATGCATTAT TAATCGCTAT 120  
 TACTATTCAA AGTATAGGAT TATTGATTTT GACGGCAACA GATATTTTAC AAATTCCTGC 180  
 45 ACATAGTTTT CCAATATTGG GAACAATTAT AGGTTCTTTT ATTTTGGAA TTGGAATAGT 240  
 ATTGGCTGGA GGATGTGCAA CAGGtACTTG GTATCGCGCT GGTGAAGGGC TAATTGGTAG 300  
 TTGGATTGCA TTAGTATTAT ATGCTGTTAC TGCAGCAATC ACTAAAACAG GGATTTTAAA 360  
 50 GCCAGTAATG GATAAAATTA ATCAACCAAC GAATGTAAAT AGTGATATGT CTCAACAAC 420  
 TGGCATTCG TTTTGGGGAT TAGTCGTTAT ATTA ACTATA ATCACCATTT TTCTAGTTGT 480

GTATTGGTGT TTCTTCTGGT GAAAATAGAG CGGTAGAAGC TGCTAAAAAA GCAATCTCTT 1320  
 CTCCATTACT TGAAACATCT ATCGTTGGTG CACAAGGTGT GCTTATGAAT ATTACTGGTG 1380  
 5 GCGAGTCATT GTCATTATTT GAAGCACAAG AGGCTGCTGA TATTGTCCAA GATGCTGCAG 1440  
 ATGAAGACGT TAATATGATT TTCGGTACAG TTATTAATCC TGAATTACAA GATGAGATTG 1500  
 TTGTAACAGT TATTGCAACT GGTTTTGATG ACAAACCAAC ATCACATGGT CGTAAATCTG 1560  
 10 GTAGCACTGG ATTCGGAACA AGCGTAAATA CTTCTAGCAA TGCAACTTCT AAAGATGAAT 1620  
 CATTCACTTC AAATTCATCA AATGCACAAG CAACTGATAG TGTAAGTGAA AGAACACATA 1680  
 CAACTAAAGA AGATGATATT CCTAGCTTCA TTAGAAATAG AGAAGAAAGA CGTTCAAGAA 1740  
 15 GAACAAGACG TTAATCGGTT AATATATATA CACAAATAAT TCAACACAAA TCATCAGATA 1800  
 ACATATCTGA TGATTTTTTT ACTAATTTTT AGaACATGTA GAAGGACATT TAAGTTTTTC 1860  
 20 aAAGTTATTA AAAGTGTTTA AGTATCGTGT GAAAATTAAG TCaAAAATTA TTTGCGCAAC 1920  
 ATTTTAACTT TAAACATAAA TGTTATATTA TATAATTATT AACTTTGTAC AGTTAGACGA 1980  
 AGATAATTTA AATGAAATGA TGGTGACGAT CGAGTGAATG ATAATTTTAA AAAGCAACCG 2040  
 25 CATCATTTAA TATATGAAGA GTTATTACAA CAAGGTATTA CTCTAGGTAT TACAAC TAGA 2100  
 GGAGATGGTT TAAGTGACTA TCCTAAAAAT GCTTTTAATA TGGCGAGATA TATTGATGAT 2160  
 CGCCCATATA ATATTACTCA ACATCAATTG CAATTAGCTG AAGAAATTGC GTTTGATAGA 2220  
 30 AAAAAATTGGG TGTTTCCCAT TCAAACACAT GAAAATAAAG TCGCTTGTAT TACAAAGGAT 2280  
 GATATAGGCA CAAATATAGA CACTTTAACT GATGCGCTTC ATGGTATTGA TGCGATGTAC 2340  
 ACATATGATA GTAATGTCTT ATTAACGATG TGTTATGCAG ACTGTGTACC AGTATATTTT 2400  
 35 TATAGTACAA AACATCATTT TATTGCATTG GCGCATGCAG GTTGGCGTGG TACCTATACT 2460  
 GAAATTGTAA AAGAAGTGCT AAAACATGTG AACTTTGATT TGAAAGACTT ACATGTCGTT 2520  
 ATTGGACCAT CTACATCATC AAGTTATGAA ATTAATGATG ATATTAAAAA TAAATTGAA 2580  
 40 ACATTGCCAA TTGATAGTGC CAACTATATT GAAACTAGAG GACGAGATCG TCATGGTATT 2640  
 GATTTGAAAA AAGCCAATGC TGCATTATTA ATTTATTATG GTGTTCTTAA AGAAAATATT 2700  
 45 TATACGACAG CGTATGCTAC ATCTGAACAT TTAGAATTAT TTTTCTCTTA TCGATTAGAA 2760  
 AAAGGTCAAA CAGGACGCAT GTTAGCATTG ATTGGTCAAC AGTAAACAAG GAGGAGATAT 2820  
 GTTTGCGTGT GAAAGATAAT TTACAACAAA TCTCAACACA AATTAATGAC AAAAGTGAAA 2880  
 50 AAAATAATTT TTCAACAAAA CCAAACGTGA TTGCAGTTAC AAAATATGTT ACAATAGAGC 2940  
 GAGCTAAAGA AGCGTATGAG GCTGGAATAA GACATTTTGG TGAGAATAGA TTGGAAGGCT 3000

55



CTTAAATAAT GAAAGTATCG ATACGATTGG GCGTGTTTTA GAAATTGAAA TATACAATCA 4440  
 TCAAGGTGAC CCTCAACAAA GTTTATATAA CATTTATGAA CAAAATGATT TGTATTTCAT 4500  
 TCGATACCCA TTAAGAGATA AAGTGCTGAA TGTTCATATT GGTGTCATTA ATACATT 4557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 342:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3931 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 342:

TTGAGTGACT TTATTGAAGC GCGGTAGAAA GAAATATTCT TCGAAGTATT TGATGTTTTA 60  
 CAAGATTTAG GATTAACAAA AGTAAATGGT GGGTTTATTG TAACTGGTGG ATCTGCAAAAC 120  
 TTAAGTTGGCG TAAAGAATT ATTATCAGAT ATGGTAAGTG AAAAAGTTAG AATTCACACG 180  
 CCATCACAAA TGGGAATTAG AAAACCTGAA TTTTCTTCAG CAATTTCTAC AATTTCTAGT 240  
 AGTATCGCTT TTGATGAGTT ATTAGATTAT GTTACAATTA ATTATCATGa TAATGAAGAA 300  
 ACTGAAGAAG ATGTTATTGA TGTGAAAGAC AAAGATAACG AATCTAAATT AGGCGGATTT 360  
 GaTTGGTTTA AACGTAAAAC AAACAAAAA GATACTCATG aAAATGAAGT AGAGTCAACA 420  
 GATGAAGAAA TTTATCAATC AGAAGATAAT CATCAGGAAC ATAAACAGAA TCATGaACAT 480  
 GTTCAAGACA AAGATAAAGA TAAAGAAGAA AGTAAATTCA AAAAATAAT GAAATCTCTA 540  
 TTTGAATGAT TATTGGCCAA TAAACTAGG AGGAAATTTA AATGTTAGAA TTTGAACAAG 600  
 GATTTAATCA TTTAGCGACT TTAAAGGTCA TTGGTGTAGG TGGTGGCGGT AACACGCGG 660  
 TAAACCGAAT GATTGACCAC GGAATGAATA ATGTTGAATT TATCGCTATC AACACAGACG 720  
 GTCAAGCTTT AAACCTATCT AAAGCTGAAT CTAAATCCA AATCGGTGAA AAATTAACAC 780  
 GTGGTTTAGG AGCAGGAGCT AATCCTGAAA TCGGTAAAAA AGCTGCAGAG GAATCTCGTG 840  
 AACAAATTGA AGATGCAATC CAAGGTGCAG ACATGGTATT TGTTACTTCT GGTATGGGTG 900  
 GCGGAACTGG TACTGGTGCA GCACCAGTCG TTGCTAAAAT TGCAAAAGAA ATGGGCGCAT 960  
 TAACTGTTGG TGTGTAACT CGTCCATTTA GTTTTGAAGG ACGTAAACGT CAACTCAAG 1020  
 CTGCTGCTGG AGTAGAAGCT ATGAAAGCTG CAGTAGATAC ATTAATCGTT ATACCAAATG 1080  
 ACCGTTTATT AGATATCGTT GACAAATCTA CGCCAATGAT GGAAGCATTT AAAGAAGCTG 1140  
 ACAACGTGTT ACGCCAAGGT GTACAAGGTA TCTCAGACTT AATCGCTGTT TCTGGTGAAG 1200

	GGATTAGATT ATGAAGGTGT TACTACTACAA AAAATTAAAT TAACTGAACC AGCAATGATT	2640
	TCATCAGAAA ATCCGAGAGA AATTGCGCAT ATTGCTGAAA TTATGATGAA AGAAATTGAC	2700
5	ATATTAAATG AAAAATATGC GATTTGTATC GCAGACTCAA GTGGAGAGTT TAAAGCTTAT	2760
	AGGCATCAAG TGGCTAACTT TGCCGAAGAA AGAGAAGACA TTAAAGCGAT TCATCAACTA	2820
	ATGATTGAAG ACTTAAAGCA AAGAGAAATG GACGGCCCAT TTGAAAAAGA TTCACTTTAT	2880
10	ATTATCAATG ATTTTAAAC ATTTATTGAT TGCACGTATA TTCCGGAAGA TGATGTTAAA	2940
	AAGCTTATTA CAAAAGGACC AGAACTTGGC TTGAACATTT TATTTGTCGG CATTCATAAA	3000
	GAATTAATAG ATGCTTATGA TAAACAGATT GATGTTGCAC GTAAAATGAT TAACCAATTT	3060
15	AGTATAGGTA TTCGTATTTT AGACCAACAA TTCTTTAAAT TTAGATTTAT TCAACGAGAA	3120
	CCTGTTATTA AAGAAAATGA AGCATATATG GTCGCAAACC AAGCTTATCA AAAGATTAGA	3180
20	TGGTTTAAAT AGCAATGAAT TAAATAGGAG GGAGGTATGT TATGAATTTT AATGATATTG	3240
	AAACAATGGT TAAGTCGAAA TTAAAGATA TTAAAAAGCA TGCTGAAGAG ATTGCGCATG	3300
	AAATTGAAGT TCGTTCTGGA TATTTAAGAA AAGCTGAACA ATATAAGCGA TTAGAATTTA	3360
25	ATTTGAGTTT TGCACTAGAT GATATTGAAA GCACAGCAA GGACGTACAA ACTGCAAAAT	3420
	CTAGTGCTAA TAAGGACAGT GTAAGTGTTA AGGGAAAGGC GCCCAATACG TTATATATTG	3480
	AAAAAAGAAA TTTGATGAAA CAAAAGCTTG AAATGTTGGG TGAAGATATC GATAAAAATA	3540
30	AAGAATCCCT CAAAAAGCT AAGGAAATTG CTGGCGAAAA GGCAAGTGAA TATTTTAATA	3600
	AAGCAATGAA TTAATATTGA GGTGAAGATA TGGGTGGATA TAAAGGTATT AAAGCAGATG	3660
	GTGGCAAGGT TGATCAAGCG AAACAATTAG CGGCAAAAAC AGCTAAAGAT ATTGAAGCAT	3720
35	GTCAAAAGCA AACGCAACAG CTCGCTGAGT ATATCGAAGG TAGTGATTGG GAAGGACAGT	3780
	TCGCCAATAA GGTGAAAGAT GTGTTACTCA TTATGGCAA GTTTCAAGAA GAATTAGTAC	3840
40	AACCGATGGC TGACCATCAA AAAGCAATTG ATAACCTAAG TCAAAATCTA GCGAAATACG	3900
	ATACATTATC AATTAAGCAA GGGCTTGATA GGGTGAACCC ATGATGAAAG ATGTTAAGCG	3960
	AATAGATTAT TTTTCTTACG AAGAATTAAC AATTTTAGGT GGTAGTAAAT TGCCTCTCGT	4020
45	AAATTTTGAA TTGTTTGATC CATCAAATTT TGAAGAAGCT AAAGCTGCTT TAATTGAAAA	4080
	GGAATTAGTA ACAGAGAATG ACAAGTTAAC TGATGCAGGT TTTAAAGTGG CTACATTAGT	4140
	CAGAGAGTAT ATTAGCGCCA TTGTAAATAT TCGAATTAAT GATATGTATT TTGCACCATT	4200
50	TAGCTATGAA AAAGATGAAT ATATTTTGTT AAGCCGGTTT AAAAATAATG GGTTCAAAT	4260
	ACGAATTATC AATAAAGACA TTGCATGGTG GTCGATTGTA CAATCATATC CTTTATTGAT	4320

55

	AGGGAAATCT GAGATTATCC AATCATACAT TTTATCTTTA GCTATTAATT TTCACCCTCA	840
	TGAAGTTGCA TTCCTATTGA TTGACTATAA AGGTGGGGGT ATGGCGAACT TATTTAAAGA	900
5	TTTAGTCCAT TTAGTTGGTA CGATTACAAA CTTAGATGGC GATGAAGCGA TCGTGCCTT	960
	AACATCAATC AAAGCCGAAT TGAGAAAACG TCAACGTTTA TTCGGAGAGC ATGATGTTAA	1020
10	CCATATTAAT CAATACCATA AGTTATTTAA AGAAGGTATT GCGACAGAAC CAATGCCACA	1080
	TTTATTCATT ATTTCCGATG AGTTTGCCGA ATTAAATCA GAACAACCTG ATTTTATGAA	1140
	AGAACTTGTA TCAACGGCAC GTATTGGACG TTCGTTAGGT ATTCATTTAA TACTTGCGAC	1200
15	ACAAAAACCA TCGGGTGTG TTGATGACCA AATTTGGTCT AACTCTAAAT TTAAGTTGGC	1260
	ATTAAAAGTA CAAGATAGAC AAGACAGTAA TGAAATTTTA AAAACACCAG ATGCAGCAGA	1320
	CATTACmTTA CCaGgTCGTG CGTATTTACA AGTTGGTAaT AATGAmATTT ATGAATTATt	1380
20	CCAATCTGCA TGGAGTGGTG CAACATATGA CATCGAAGGC GATAAATTAG AAGTTGAAGA	1440
	TAAGACGATT TACATGATTA ATGACTATGG TCAACTTCAA GCAATCAACA AAGACTTGAG	1500
	TGGACTTGAA GATGAAGAAA CGAAAGAAAA TCAAAGTGGG TTAGAAGCGG TCATAGATCA	1560
25	TATCGAATCT ATTACAACAC GATTAGAAAT CGAAGAAGTT AAGCGTCCAT GGCTACCACC	1620
	ATTGCCAGAA AATGTATATC ArGAAGATTT AGTAGAAACa GATTTTCAGAA AATTATGGTC	1680
	AGATGATGCA AAAGAAGTGG AATTAACATT AGGACTTAAA GACGTACCAG AAGAACAATA	1740
30	TCAAGGACCG ATGGTATTGC AATTGAAAAA AGCTGGGCAC ATCGCGTTAA TCGGAAGTCC	1800
	AGGATATGGT AGAACAACGT TCTTACACAA CATTATTTTC GATGTTGCAA GACACCATCG	1860
35	TCCTGATCAA GCACACATGT ACTTGTTTCA TTTCCGTACC AATGGTTTGA TGCCAGTTAC	1920
	AGACATACCA CATGTCGCTG ATTACTTTAC AGTAGATCAA GAAGACAAGA TTGCTAAGGC	1980
	GATACGTATA TTTAATGATG AAATTGATCG TCGTAAGAAG ATTTTAAGTC AGTATCGTGT	2040
40	CACTAGTATT TCTGAATATC GAAAATTAAC TGGTGAAACA ATTCCGCATG TCTTTATTCT	2100
	TATTGATAAC TTTGACGCAG TAAAAGATTC ACCTTTCCAA GAAGTTTTTG AAAATATGAT	2160
	GATTAAAATG ACGCGTGAAG GGCTAGCATT AGACATGCAA GTAACCTTAA CTGCTTCAAG	2220
45	AGCTAACGCT ATGAAAACAC CAATGTACAT TAATATGAAA ACGCGTATCG CAATGTTTTT	2280
	ATATGATAAA TCAGAGGTGT CGAACGTAGT AGGACAGCAA AAATTTGCGG TTAAAGATGT	2340
	TGTGGGTGCA GCATTGTTAA GTAGTGATGA CAACGTATCA TTCCATATTG GCCAACCATT	2400
50	TAAACATGAT GAGACCAAAT CATATAATGA TCAAATTAAT GATGAAGTAT CGGCGATGAC	2460
	AGAATTTTAT AAAGGTGAAC ACCAAATGAT ATtCCTATGA TGCCAGATGA AATTAAATAT	2520

55

TCTTGTA AAA CTGTACCAAC AACATTAGAT CTATCATGTA AACAACTAAC GGTTCATCT 780  
 TGATTATTTA TATATAGTTC CCCAGTTATG TTACCTTTAG TTTTAAATGG AATTAATCCG 840  
 5 TTTATGCAAT TTGCAAAAGT CGATTTACCA CTACCCGAAG CACCAACTAC TAATACTTTT 900  
 TCTCCTGGAT AAATATCAAC ATTTATATTC TGTAATGTAG GTGTTGCTTG ACTATGATAT 960  
 TGAAAACTAA AGTCTTTGAA CGAGATAATT GGTTCAGTCA TGATATATCA TTACCTTTCT 1020  
 10 ATATTCATTT ACATATCTGA TTCAACAAAA TAACTATTCC TTACGTAAAC TACCTTTTTT 1080  
 AATTTGAGAT GAAGCATATG CTTTAAATAA TATTGTCCCA ATAATGCCAA CTGAAATAAT 1140  
 ATTTAATACT GCAGAGATAA CACCTTGTGT ATAAACCTTG TTAGCTGGTT CGTTATAAAT 1200  
 15 CAAAATATCT AATGTTGGTG CAATAAGTGC CCAGCAAATA ATATTCGCAA TAATTTGACC 1260  
 GATATTAAAA TAAACCATCG ATTTCTAGA AAATCGGCCT GAAGAAAGAT TTAATTTTAG 1320  
 20 TCCAATCCAG CCATATAAAC AGCCTATAAT TCCCAGAG 1358

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 341:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4557 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 341:

TAGAAGAATT GGAGAAAATG CTAATTCAAT TGTCAACATT CCATAGTTAT CATGATTTAG 60  
 AGTTTCTATT TGTGACACGT GAAGATGAAG TTGAAACATT GAAATGGGCA CGTTGGTTGC 120  
 35 CACATATGAC ATTGAGANGG CAAACATTA GAGGATTTGT TTACAATCAA CGAACGCGTG 180  
 ACCAAATTTT AACGTCAATT TATAGCATGA TTAAAGAACG TATCCAAGCT GTGCTGAACG 240  
 40 CAGCAGAAGT AATGAGCAAA TTATTTTCAC ACCGCAATTA GTGTTTGTC TACAGATAT 300  
 GTCATTAATT ATTGATCATG TCATTTTAGA ATATGTAAAC CAAGATTTAT CAGAATATGG 360  
 TATTTCATTA ATCTTTGTTG AAGATGEGAT TGAAAGTTTG CCAGAGCATG TAGATACCAT 420  
 45 TATTGATATC AAGTCTCGTA CTGAAGGCGA ACTGATTACG AAAGAAAAAG AATTAGTTCA 480  
 ATTGAAATTT ACACCTGAAA ATATTGTAA CGTCGATAAA GAATATATCG CGCGACGTTT 540  
 50 GGCGAATTTG ATACACGTCG AACATTTGAA AAATGCAATT CCTGATAGTA TTACATTTTT 600  
 AGAGATGTAT AACGTGAAAG AAGTAGATCA GCTTGATGTG GTTAATCGAT GGAGACAAAA 660  
 CGAAACATAC AAAACGATGG CAGTACCTTT AGGTGTAAGA GGTAAGATG ATATTTTATC 720

ATTTTCATTTT CAGCTGATAA AGCACCATGA TATCCATAAA AGCGCATACC TTTAAGAAAG 1080  
 ATTGTGTCTT GCATTTTCAT TCTCCTTTAA AAAATCTATA CCTTTAGCTA ATTTAGCATT 1140  
 5 CAACTCGACA TTATGAACGC GTACTGCTCT AACGCCTTTC ATAATACCAT ATGCAGTCGT 1200  
 AGCTGCAGTT ACTTCATCTC TTTCAACCGG TGTGTATCA TAACCCATCA TCTCTTTAGT 1260  
 GAAACGTTTC CGGCTTGTCG CTAATAAAAC TGGATATTCT GTTGCAACAA GTTCATCCAG 1320  
 10 TCTTGCCATA ACTTCGGCTT CTTCATTTCT AGTTTTAGCG AAACCTATAC CTGGATCTAG 1380  
 CCAAATTTTA TTTGAAGGTA TACCAGCTAT TTTAGCTTGA TGTGCTTGTG CTAACAAAGA 1440  
 TGTTAACATT TCTTCGACAA CCGGTTTCATC ACGATTACCA TTTCCATTAT GCATTAATAA 1500  
 15 AATTTCCGCG TCATATTTAG CTACAATTTG GAACATACGA TGATCATACA GACCGCCcAT 1560  
 tGATCATTAA TCATATCAAC GGCTAATTTT AAACATGCTT CAGCAACCTC ACTTCGAAAT 1620  
 20 GTATCGACTG AAATTTTTTA CATCAaAACC GACAATAGCT TCAaCAACAG TAATACTCTG 1680  
 TTCCATCTCT TCTG 1694

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 340:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1358 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 340:

AGCATTTCTT TTCTATAAAC ATTTAATTGA ACATTATTAA GTACACTATT ACTATAGTCA 60  
 CTATATTGAA CaCATACCTC ATTTAATTCT AATAGCGGTT CAGATTTGTA CTTATTATCA 120  
 TTATTTGCAG ATGTTTCATC TATCCATTTT TTCACTTTAA ATTTAACATG TTCACTCATA 180  
 40 CAAACGTCAC GTAAATTGCG TAAGTTATCA ATGGATTGCA CATCTACTTC TGCATATTTA 240  
 AGCGCTGTAC AGTATAATGG TTCACGTATG CCTGCTTCTT TAAGCTTAGA TGATTTTAGC 300  
 AAATCACTAG GCGTTGTATT AGCGATGATT TTTCCATCTT TAAAAAGAAG AACTCTATCA 360  
 45 AACGTATCAT CTAATGATTC TTCTAATCGA TGTTGACAA TAATCATCGT TGACTTTGTT 420  
 TCTTCATGAA TATTGTTTAA CAATCTCAGC GTTTCATGTC CTGTGCGAGG ATCTAAATTG 480  
 GCCAGTGGCT CATCCAATAT TAAATAGGC GTACGATGGA TTAATATACC ACCTAATGAA 540  
 50 ACGCGTTGTT TTTGACCTCC AGATAAATCT TCGGTCGGT GATTTAAATG TTCTATCATG 600  
 CCAACTTTTT CAGCCCAATA ACTTACATTT TTCTTCATAT CATCTTGTTT AACACAATTA 660

	TGTTGAGATT TAATCGTTCT TACAGTATT A CTAATATGAT CAACTTCTTT ATCGCTCGGT	2820
	CCTCTACCAC TCATAACAAT ACAATATGTT CCAATATGAT TATCATGTGC CACCTTTGCT	2880
5	CCATCGATAA TTTGTTCCCTC TGGAAATTAAA GCATATCGCT GTTTTTGTTT AATATCTCGT	2940
	GATTGTCCAC AGTACCCACA ATTTTCAGGA CATATACCAC TTTTAGCATT TAAAATCATG	3000
	TTTAATTTTA CTTTTTTACC AAAATAATGT TTTCTTAAAA TGTACGCCTC ATTTAATAAA	3060
10	TCTAAGGTAT CAATATTAGT ATCCTCATAA ATtTTCAATA CAGTCTCTTT TGTtAATTGT	3120
	tCCCCTTGTA ATATGCGTTT AGCCAAATTC ATATTAACAC TTCCTATCTA AAA	3173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 339:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1694 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 339:

25	CGATTATCCA TTAATACAAC CCTAAGTAAA TGTATAAAAA TTATCTTCCA CAAACTTCAA	60
	CAAAAGCCTA AATAAATTAC AGCAATTTAT CAAATATTGC TTACTTTGAT TTTATGAAAT	120
	nACTTAATTC TAACACATAC TAAATCATCA TATACTAATT CGAAATCAAA TGCATTTAGA	180
30	GATAATCaAA ATGCGGAAAC ATCTCCaATA ATCAATAATC TATTCCCAAT AAATATGAAT	240
	GTTCTCAACA ATACATTATT TATATCTCTT TACACTGTCA TCGACAAAAA CTAAATCTTT	300
35	CACTTTCAAT TTCGAACGTG GTTCTACGAC ATTTGCTGCT ATATCATTTA ATGGGATTAA	360
	AACAAATGCA CGTTCATTCA TTCTCGGATG TGGCACCGAC AGTTTTGGTA AATCTATCAT	420
	TTCTTCTCCA TACAACAAA TATCCACATC TAAAGTTCTA GGACCCCATC GTTCCTTTCT	480
40	AATACGGTGT AACATTCTT CTGTCKTCAA ACAACATTCC AACAGTTGTA ATACTGTGAG	540
	TGTTGTTTTsA ATTTCAACAC ACAAATTTAA AAAGTTAGGT TGCTCAGTAT ACCCAACTGG	600
	TGCTGTTTCA TAAATCGGAG AAATAtTAGA TACGTTAATA CCATCATATT CATTCaAAAT	660
45	CTTyATAGCA TCGTTTAAct GGCTTTCTCT ATCACCaTa TTACTACCTA AyCCTAAGTA	720
	TGCTTGAATC ATyTATTCTC CCTCACTATT TCGATACCTA CTCCATCATA ATGACCCGGA	780
	ATCGGTGGGT TTTCTTTAGT GATTCTCACT TTCGTTTCCA TTACACGATT ATATTGTGAA	840
50	TTTATACGAT TTGCAATACG TTCAGCTAGA TGCTCAAGTA AATTAACGGC CTTACCTTCC	900
	ATAATTGATT TAACCTCTTc GAACACTTCA CCATAATGAA CTGTATCAAT AACATTATCA	960

ATTTTGTCAA ACTCACAAAT CGTTTCAGCA CCACTAATAT GAACATCTTG ATTGCTAGAA 1020  
 CGCATTTTTTA TACTATACAT GACGATCACC TcAATCTTCT TGaTGCAAAA TTTCAAACAA 1080  
 5 CCTATCTATA TCTTGTTcAG TATGAAAATA CGACAATGAT ATTCTTAACA TTGGCTTAGT 1140  
 CACAGTtGGA TACCTTAAAT AACTTGTAaa CACATGATGC TTTAATAATG TTTGATGAAT 1200  
 GTTCTCAGCC GCTTCTATGT CATCAAaCTC AATAAACTTA ATCGGCGAGT TTGaACTATT 1260  
 10 ATAATKaACA TTGAGTGCTT TTAaCTTTTG GTTAAaATAT TTAaCTCAAAC TATTTAATTT 1320  
 AGTGCGTCTA TCATCAGCAT TTATTAaCTT TTCAATGTTT CTTTTTATAA AATACAAATT 1380  
 ATAAATTGGC AAaCTACTTG AGTAGATGAG TGGTCTACCG TGATTAATTA aCATATCctT 1440  
 15 CaCATCaTTT GaACTKaAAA TcACACCCCC GTATGCACCA CATGCTTTAG ATAAaCTAGA 1500  
 AGTGAGTATA TCTACACCTT GATAATTcGA GTAAaTCTCT ATtCCAAaAC TATGTGAaAC 1560  
 20 ATCGAGTATC AGTGTTGCGT TAnATTTATG CTTTAATGAG ACTAATTGAC CAATATCCAC 1620  
 AACGTCGCCA TTCGTTGAAA ATACACTATC AGATATGATT ATTTTGGTA TATTTTGATT 1680  
 AGGGTATTTT TCTAACCTTT TTTCTAAATC AGCAATATCT AAATGCTTAT ATATCACTTT 1740  
 25 TTCTAAACCA CTTAACTTAA TACCGTCAAT AATACTCGCA TGATTTTCTT GATCTGAAAA 1800  
 CACGACACAA TTTGTATTTT TGAAAATATT AAATAACGCC AAATTAGCAT CATAACCACT 1860  
 ATTTAAGATA GTACATGcAC TATATCCGAG CCAACCTGCT AACATTGTTT CAATTTCTTC 1920  
 30 ATAAGCTGTC GAACTTCCAC TAATTAATCT TGAaCTTGAT AAGTGATAAC TATACTTCCG 1980  
 CATAAATCTT TCGAAATCAT CCTTATCAAA CGCTATTTGA CCTAATCCTA AATAATCATT 2040  
 AGATGTATAG TTCGTACATC TCTTATTTTc TACTTCAATA TACTGTCTAT CTATATACCC 2100  
 35 TACCGATTTA AGCGACCGAT ATAACCCTTT CTGTTGTAAT AAATCAATTT GCTCTTGAAA 2160  
 CTTCAATTCTT GTTTTCTTA TTTTCACAAG TGTCATAATC AATTTCAAAG CCTAAATCAT 2220  
 40 TAATCATATC GTAGTCTAAT TGGTTCGGTT GCCCACCAGT AATTAGATAA TnCACCgACA 2280  
 AATATTGAAT TCGCCGCTTT TAATGCTAAT GGCTGTAACG AACGTAAGTT GACCTCTCTT 2340  
 CCTCCAGCAA TACGAATTTc TTTCTAGGA TTGATTAATC GGAATAATGC TACGATTCTT 2400  
 45 AAACATTTCA TTGGTGTTAA ATCATCCATG CTTCCAAaCT TTGTGCCTTT GATTGGATGC 2460  
 AAAAAATTAA TCGGAATACT GTCGGCATCC ATTTCTTTTA AAGCAAATGC CATATCAACA 2520  
 ATATCTTGAT TAGATTCTCC CATACCACAA ATCAGCCAG AACATGGTGA TATATTATTC 2580  
 50 GCTTTCATTA GTTCTATCGT ATCTGTTCTA TCTTTATAAC TATGCGTTGT CACGACGTTA 2640  
 TcATGGTAAT TTTCACTTGT ATTAATATTG TGGTTATATC TGTCTACACC AGCTGACTTA 2700  
 55

TTACAACAAA TTTTAACTCG TCCAGCTGAG CATGATGTTG TAGCAACTAT GAACTTGAAT 3060  
 GGTGACTATA TTTCAGATGC TTTAGCTGCA CAAGTTGGTG GTATTGGTAT TGCGCCAGGT 3120  
 5 GCAAACATTA ATTATGAAAC AGGTCATGCT ATTTTTGAAG CAACACATGG TACAGCTCCA 3180  
 AAATATGCAG GTTTAAATAA AGTGAATCCA TCTTCAGTAA TTTTAAGTTC TGTATTAATG 3240  
 TTAGAACATT TAGGATGGCA AGAAGCGGCA GATAAGATTA CAGATTCAAT TGAAGATACA 3300  
 10 ATTGCTTCAA AAGTTGTTAC TTATGACTTT GCCCGTTTAA TGGaTGGtGC TGAAGAAGTT 3360  
 TCTACATCAG CATTTCAGA TGAATTGATT GnAAATTTAA AATAAGCAGA ATAGAATTAG 3420  
 15 G 3421

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 338:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3173 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 338:

CCCTnGATAC CCAAAGTGCC CTAATACCAC TGGCTAAACC TAATGGATAG TACCATTTAT 60  
 TTTCCAATAA ATAAnCCAAC TGCAATnGCT ATaACTCTAA ATATAATAGA GATAATCmCA 120  
 30 TTAATTGGAT TAAtACGCCA AATACTAGTA ATAATAGGCT AGATAATAAT CCACCTAAAA 180  
 AGTACTTTTT AATTCCAAAG AAAGCTAATA TCAATAATGC TGCCGGTGCA GATAATTGAA 240  
 AATCTAATCC TGGTATAATG GACGGTATTT TCAAAACTGC CAAAATGGTT AAAATCGCAG 300  
 35 CAATGACACT AATTTGAGTA ATATCTTTTG ATGTCATACT AAAACCCCTA TACCGTTTCA 360  
 TAAACAACTT GCTTCGGTGT GCTTTCTAAA AATGATATGT AATGATTTAA ATCAATACAA 420  
 40 TCGTCCACAA ATATTATTCT GCCTCCATAT CTCGTATTAA CTGGTTTAAT ATCAAATAAT 480  
 CGATGGTAAC CAATTTTAGC AGCGGCAAAA TAACCTGTCG TATACGTAA GTCATCGGAC 540  
 ACGCAAAGTT CTCCTTTGAC ATACGGATGC GCATTGATAC AACTAGCAAT TGCTAAGGCA 600  
 45 TCAGTCACTC TTTCATTAAG ATCACCTTTA TTATTTATAT CTTCAAACGA AAAATGTGTT 660  
 GCCCTAATCC CCCTTTGTCC AAATGAATCT AAACGTTTAC CAGATATAGC AGATAGAATA 720  
 ATAGCTCCTG TATAAACCGT TTCATTTTAA ATATATGTCA TCCCTTGATT TAGCGCTTGT 780  
 50 TCAGTGACAC CACATTCTTG TGTTAAATGT TGGAGATTTG CTTTATCATC CTCAATAATT 840  
 TGTAATGCTT TTATTGTG AATCGGTTCC ATGATTTTTT GTATTTTTAT ATTGAGAAAA 900



	TACACATTTT GAGGAGTATG TTACAGATCA CGTGCATCCA ATGACAGCAT TACGTACGTC	1260
	ATTATCATAT ATTGCACATT TCGATCCTGA TGCTGAAAAT GAATCAGATG AAAATCGTTA	1320
5	TGAAAGAGCA ATGCGTATAC AGGCTAAAGT AGCATCATTG GTTACAGCGT TTGCTCGAGT	1380
	AAGACAAGAT AAAGAACCAC TTAAGCCTAA TCCTGACTTA AGTTATGCGG CAAACTTCCT	1440
10	ATATATGTTA CGTGGGGAAT TACCAACAGA TATAGAAGTA GAAGCCTTCA ATAAAGCACT	1500
	TATTTTACAC GCTGATCATG AGTTGAACGC ATCTGCATTT ACGGCACGTT GTGCGGTATC	1560
	ATCATTGTCA GATATGTACT CAGGTATTGT AGCAGCCGTA GtTCTCTGAA AGGGCCATTA	1620
15	CATGGTGGTG CAAACGAACA AGTTATGACG ATGTTATCTG aGATTGGGTC AaTTGAAAAT	1680
	GTTGATGCTT ACTTAGATGA AAAATTTGCT AATAAAGrTA AAGTAATGGG cTTCGGTCAT	1740
	CGTGTATATA AAGATGGTGm tCCTAGaGCG AAaTATTTaA GaGAAaTGAG CCGTCAAaTT	1800
20	mCGAAAGACG CTGGTCGTGA AGAATTATTT GAAaTGTCAG TGAAAaTGGA AAAmCGTATG	1860
	GCAGAAGAAA AAGGATTAAT TCCTAATGTT GATTTTTATA GTGCGAGTGT TTATCACTGT	1920
	ATGGAAATAC CTCATGACTT ATTCACGCCA ATCTTTGCTG TAAGTCGTTT TGCAGGATGG	1980
25	ATTGCTCATA TTTTAGAACA ATATAAAGAT AATAGAATTA TGCCTCCTAG AGCGAAATAT	2040
	ATTGGCGAAA CGAATCGTAA GTATATCCCG CTTGrAgAAA GAAAmTAATC AATACAAATT	2100
30	AAAAATGAAG ATGTAAAATT TGGAGGTAAA ATAActATGA CTGCAGAAAA AATTACTCAA	2160
	GGAActGAAG GATTAAACGT ACCTAATGAA CCAATTATCC CATTTATTAT CCGTGATGGA	2220
	ATTGGACCGG ATATTTGGAA GGCAGCAAGC CGAGTTATAG ATGCTGctGT TGAGAAAsCC	2280
35	TATAATGGCG AAAAACGCaT TGAATGGAAA GAAGTGCTAG CTGGCCAAAA AGCATTGTAT	2340
	ACAActGGTG AATGGTTACC TCAAGAAACA CTTGATACAA TTAAAGAATA TTTAATTGCT	2400
	GTTAAAGGAC CTTTAACAAC ACCAATTGGT GGTGGTATTA GATCATTAAA TGTGGCTTTA	2460
40	CGCCAAGAAT TAGATTTATT TACTTGCTTA AGACCGGTAC GTTGGTTTAA AGGAGTACCA	2520
	TCACCTGTTA AACGTCCACA AGATGTTGAT ATGGTTATTT TCCGTGAAAA TACTGAAGAC	2580
	ATTTATGCTG GTATTGAATT TAAAGAAGGT ACAACAGAAG TTAAAAAGGT AATTGACTTC	2640
45	TTACAAAACG AAATGGGTGC GACAAACATT CGATTCCCAG AAActTCAGG TATTGGTATT	2700
	AAACCAGTTT CTAAAGAAGG AACTGAGCGA TTAGTTAGAG CAGCTATACA ATATGCTATC	2760
50	GATAATAACC GTAAATCAGT TACTTTAGTT CATAAAGGTA ATATTATGAA ATTTACAGAA	2820
	GGCTCATTTA AGCAGTGGGG TTACGATTTA GCATTATCTG AATTTGGTGA TCAAGTATTC	2880
	ACTTGGCAAC AATATGACGA AATTGTTGAA AATGAAGGCA GAGATGCTGC TAATGCTGCT	2940

55

TTAATATTGT AACTCTTACA CTAATTTAGG TTCTGCTATC ATTCGGTCTG ATGGAAAATT 1200  
 TTTACTTTTC ATCTGTCCGA TTTTGTGATT TTGAATATAA AAAAGCACGA CCGAAGTATC 1260  
 5 ATTAACACAC TTCAATCGCG CAATTAAATA ATCTATTGA TCATTATTG GATATTAACA 1320  
 ATTTTACG 1329

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 337:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3421 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 337:

GAATAGTGCC ATTTGGAAAG ACATAAAGAA TCCAGAAGCA CCTTTAGCGA ATATGCCGTG 60  
 TTCATATAGA TTTGTGAAAC TGGCATGCCC GAATTGAGTT TTAAATGCAA ATAGAATCAT 120  
 GACGAAACCA ACTACTATTA AACCAATAAT TGTCGCTATT TTAATGATAG AGAACCAAAA 180  
 25 TTCTAATTCT CCGAAAAGTC TTGCGCTAAG TAGGTTGAAT GACATTAATA ACAGTACACA 240  
 AAATAGTGCA CTTATCCAGT TTGGAATTTT TGGGAACCAA AAGCTAACAT ATTTTGCCAC 300  
 AGCCGTTACT TCAGCCATAC CTGTAATAAT CCAACAGAAC CAGTATGTCC ATCCGGTAAC 360  
 30 AAATCCTGCA AAAGGCCCAA TATATGTATT GGTACATCT GCGAAAGATT TAAATTCAGT 420  
 ATTCTGTATA ATGATTTCTC CTAAACCTCG CATAAACATA AATAACATAA ATCCTATAAT 480  
 GATGTATGTT AATAGAATTG AAGGGCCGGT TAATGCAATC GTTTGACCAG CACCTAAGAA 540  
 35 TAAGCCTGTA CCAATTGCAC CGCCAATTGC AATTAAATTGT ATGTGGCGAT TGCTCAGTTC 600  
 CCTTTGTAAT TTTTCAGCCA TAATACATCT CCCTTAAATA TAGATATGTT TATTATGCAC 660  
 40 TTATATTGAG ATATATACAA TTATTTTCGG TAAAATGTG TAAAATTCCA TGTTAATATA 720  
 CTTTGGTTTT TATAATCATA TATAATAACC AATTGAAAAT TTAATTCTAT TGTAATAATC 780  
 ATGGATTATT CACATCTTGA AAAAGCTTTA ATGGTGCTAT TTGTGGCTAT TCTGTGACAT 840  
 45 TTACATAGAT TTACAAAAAA ATTGTTGCAC ATATAATGCC AGTtTTTATA TTTCAAAAC 900  
 GAAATGCGTT TAcTATAATA TTAGTTGAAA GCCATTTTCAAT AAAGAAACAG TAAAGGGGAA 960  
 ATTtATCaTA GcmGaATTAC AAAGAGGTTT AGAAGGGGTT ATCGCmGCGG AGACTAAAAT 1020  
 50 AAGTTCAATT ATTGAAAGTC AATTGACTTA TGCCGGCTAT GATATTGATG ATCTAGCTGA 1080  
 AAATGCGCAA TTTGAAGAAG TTATTTTCCT ATTATGGAAC TATAGATTGC CAAACGAAGA 1140

ACCAACCGTA AACTTGTTTT TTCTGAGTAG TTTTAGCTGT ATGATACATT GcTAACGCAG 1200  
 CCGCTGGAAT ACCGAACATC ATGATTGGGA AGAATCCCGC TTGATAGCGT CCTGTAATAC 1260  
 5 CTTTTATAGC ATCTTTGCCA CTTTGGGAATT TACCAATATC ATTAATACCA ATCGTATCAA 1320  
 ACCAGAACAC ACTATTCAGT GCATGATGTA ATCCTGTAGG AATTAATAAT CTATTGGCAA 1380  
 CACCATATAT GAAAGCTCC 1399

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 336:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1329 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 336:

TATAGTTnTA TTATTTAGCG AAGCATTAAAT ACTACCACCG GTTATAACAA ATGTATTTTG 60  
 CGTATTAAAT TGAATGGTAG GACCAATCAA AGTATATTCA ATCGCTGGAC CATCATTGTT 120  
 25 AATTAATGAC TGCGCAACCT TAAAACTAAA TTGATCCATG GCACCTGCGC CTGAAAATCC 180  
 AATATGTTCA TAACCTATTC TTCCTAGATC TTGTACCGTT GAAAAGAGAC CTGGTTGTAA 240  
 AATCTTAATT GACATTTTCA ATCACCACCC AGTCATCAAC ATTAAAGTTG CCATCTGATA 300  
 30 TATCTCTTTC GATTGTATA AATTTCTGTT CATCTATTGC ATAAAATTGT ATCCATTCTC 360  
 CTGCTTCGTA CATTGACATT GGTTCACGCT CGCTGCTAAA TACTTTTAAc GGTGTGCGTC 420  
 35 CAATAATTTG CCATCCGCCA GGAGAATCTG ATGGATATAG TCCTGTTTGA TTATTCGCAA 480  
 TACCTACAGA ACCTGCATGA ATTTTTAACC TTGGCTGATT ACGTCTAGGT GTATGTAGTT 540  
 GTTCATCAAG TcCGCCTAAG TATGGAAATC CTGGCATAAA TCCTAGCATA TATATTAAAT 600  
 40 AAGGTTTACT TGTATGTTTT TCAATAACTT GCTCAACAGT TATTCGATTA TGCTTTGCTA 660  
 CTTCTTCAAT ATCTGGTCCA TATGTACCAC CATATTGAAC AGGTATTTTA ATAATACGAT 720  
 TGGTTTGATT CACAGCATGA ACATTTTTTT CATTAATTTT GTTAAGTTCT AAATTTTCAA 780  
 45 TTAATTTAGA AGATGTTATA GCTTGTTTCA CAAAATATAT TAGAACTGCT CGATACGAAG 840  
 GGACAATATC TTGAATTTCT AATATTTCTT TTTCTCGTAT CCACCGTACC ATTGCTGTGA 900  
 CATTACGATA TGTCTCTTCG GATATTTTAT TTTCAAAATA AATCATAATT GTCTGCTCGT 960  
 50 TAATAAATCT TACATCCACT TTAAATCCCC CTTTGTATTG CAATAAACCA GTATTGAATA 1020  
 CCTTTTCATT GTATCATTGA GAAGCACAAG TTGTTTAATA AGTAATTCAA ATCGCATATA 1080

CCGTTATAAC CCCTCATTAT AATCATCCTT ATTTTCTATT TTAAAAAGA CAATTAGACC 1020  
 GCTCTTTAAA CTATAGaTTA ATACTTAAGk TAAACTCATA CATACTGATA CCATACGTTA 1080  
 5 GATCTAACAA TTAAAAATTC GTTATAACTA TGGATTAAAG AGCTGCCCAA CTCATATAAT 1140  
 CCTTAAAAAC TTCACATGTG ATTGTkTATT AAGCCCTCCT TTATChTATT AAATATCCTT 1200  
 10 ATAACCCTTT TAAAATTAAA CTGACACACT CATAATTGT TACAC 1245

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 335:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1399 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 335:

CTTGTAAGG TAGTTGTTCA TTAAATTAA AACAGTATGC TAAGTThGTG CTTATATTTT 60  
 GCAACTTCAA TTCGACAGGC TCATCTTGAT ACATGAATGC CTCAATTTCA TCATGTGATA 120  
 25 ACTTTTTCAA AATATCAATT AAATGrATAC TAAAAACGAT AAATAACATA TCCCAATTTG 180  
 AATTCAGCCC TAGCGATTTT AATTTGTTTA AAATCTTATC TTTTGGAAAA ATTTCGATTCC 240  
 TAATGTCTTG TATATCGTTA TCAGTCAAAG TTTCCCAATC TATATGTGAA TGAAGACCTA 300  
 30 AATAACACTT ATCCATTAAT AATTCATATA CCGTTAATGC AGAGACATCG AAACAACGTT 360  
 CTTCACTTAr AAAAACGCCA TCAACATCAA ATAAAATTTT CTTACAATC CCCACTCCAT 420  
 35 TTCTGaAAAT TCAGaTATAA ATCATTCTAC TATTGACTA AAAAAAGCGC AAACCCTATT 480  
 GAAGTaGATT TGCGCTTTAG CTGTTnAAAT TTTATAAATG TnTTTCAATT TCATCAGCAA 540  
 CCTGCTGTAC GTGTGTACCG ACAATAACTT GAGTTGAATG TTTGCCATTA ACAGTAACAC 600  
 40 CAACTGCACC GGCGTTTTTA ATCTTCTGTT TATCAATAAT AGATGTGTCT TTAACTCTA 660  
 GACGCAACCT TGTTGCACAA TTGGTTAAAT TAACAATATT CTCTTGACCG CCTAACCTT 720  
 CTAATATTTG TATAGCATGT TGATGATATT TACTTTGTTT AATATCATTT TCACCAGGAG 780  
 45 CAATATTATC TTTTACAAC GTTGGGTCAA CTAATTCATT TTCACCTCTA CCAATCGTAT 840  
 TCAAGTTAAA TACTTGGATT ACTACACGGA AAATCACATA GTATAAGATG AAAAATACAA 900  
 CACCTTGAAC AAGCAACATC AATGGATGAT TTGATACTGG ATTAATTAGT GATAACACAT 960  
 50 AATCTATCAA ACCTGCACTA AATGAAAATC CAGCTGTCCA ATGGAATGTA GCTGCGATAA 1020  
 ATAAAGATAA TCCTGTTAAT AACGCATGAA CAACATATAA GATTGGCACA ACAAACATAA 1080

	CAAAGTTTGG CAAGGCATCT TGTACCTCAT TTATAACTCT AAATCCCATC ATTTTCAGTA	3840
	GCATACATTA GTGGATGCAC ATGATTTTCT AAAATACGCG CTAACCGAAT TCTAGAAGAC	3900
5	ATAACAATTG GTGTTTCTTC ATTACTTTTC ATCCATTGGC TGATATTATC ATGAATATTA	3960
	TGCGTCATCA TGTGTCACCT CACTCTCAGC TTTTAGTGCT TTAATTTTCAT CTCTAACAAT	4020
10	GGCTGCTTCC TCAAAATCTT GGATTTCAAT AAGTTTTTTC AAATATTCAT TCTTTTCTTC	4080
	GATTTTTTCG TTTAAAGCTA TCTTTTTATG TGAAGAATGT GGTGTCCTTC CAACGTGCTC	4140
	AAATTGTCCA CCTTGAAGCTC TGCGGACGAT ATCAATGATG TCATCTTTAA ATGTTGCATA	4200
15	ACAATTAGCA CACCCAAATT TACCAACATG TGCAATATC	4239

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 334:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1245 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 334:

	CAAAACTTTG ATTATGTCGT GTCAGTTATT AATGCATACA GTAATGCATC GTTGTTATTT	60
30	TTTATTTATT TACTATTTAT TATGTACCAA ATCAGCCTTC CAGTAAAATA GGTCAAATTA	120
	CTGATTTTCT AAATATAAAA TGCCTCCTAA TAACATACTA TTAGTACATC ATTAAGAGGC	180
	TCTTGTTGTTA TTTGCATACT AAGCGCTCAA ATTTAAATTT AAGATGAAGA TTCTTGCAAT	240
35	AATATTTCTA TATTTGTCGA TATATCCAAT GGATCTTCCA TTGGCAAGAA TCGATTTACA	300
	ACATTTCTTT GTCGATCGAT TATAAATTTT GTGAAATTCC ATTTTATTGG GGAACCCAAAG	360
	ATTCCTGGTT GTTCaTTCTT TAAATGCGtA AATAACGGAT GTTCATCGTT CCCGTTTACA	420
40	GATATTTTAG CTAACACTGG AAATGTTACA CCAAATTTCT CACGACTAAT TTTCAAGATT	480
	TCTTCATTAG AACCTGGTTG TCGATTGTCA AAATTATTAT TCGGAAAACCT CAACACTACA	540
45	AACCCACGAT CCTTATATTT TTGAAATAAA GTCTCTAGTT TTTTCAATTG TTCGCTATAT	600
	ATACATTCTG TTGCAGTATT AACAACTAAA ATCACTTTAC CTCTAAATGC TTCTAATTTA	660
	TAAGTTAAGC CTTTATAATC ACTTACTTCG ATATCATACA CATTCTATT ATTATAAGA	720
50	CACCCCTACA CAGCCTTTTT TATATTGAAT ATGTTCTTTT TAGAATGTTT TGATAAAATA	780
	AGTGCGCGTT TACACCGTGA ACACACATTA TATAGCGTGA TACATTTTTT GAGCACACGA	840
55	TAAATAATGT TCGAGTTTAT GTTGTTGCTC AACCTATCCG ATTTACCGTC TTTTTTCACC	900

	TTTTGCGATA TTCATCTAAT GTAGTAGCAC CAATACATTG TAATTCACCA CGTGCTAATG	2040
	CCGGCTTCAA AATATTGAA GCATCGATAG CACCTTCAGC ACCACCAGCA CCAACTAAAG	2100
5	TATGCAACTC ATCAATAAAT AGGATGACAT TACCTGCTTG TTGGATTTCT TCCATAACCT	2160
	TTTTCAGACG CTCTTCAAAT TCACCACGAT ATTTAGTACC TGCAACTACT GTTCCCATAT	2220
	CTAAAGACAT AACACGCTTA TCTTTTAATG TCTCTGGTAC CTCATTATTC ACTATGGCTT	2280
10	GCGCTAAACC TTCAGCAATA GCAGTTTTAC CAACACCTGG CTCTCCAATA AGCACAGGAT	2340
	TGTTTTTCGT ACGTCTACTT AATACTTCAA TTACACGTGT AATTTCTTTA TCACGTCTTA	2400
	TAACAGGATC TAATGTACCG TCTTTGGCAA TGACTGTAA GTACGAGCT AACTATCTA	2460
15	AAGTTGGAGT ATTATTTGAC TTACTAGCTT GTGCATTTTT ATTACTCATT TCAGGGTTTC	2520
	CTAAAGCTTT CACAACCTGT GCACGTGCTT TAGTAATATT TAAATCTAGA TTTGCAAAAA	2580
20	CTCTTGCTGC AACACCTTCA TTTTCACGAA TCAAGCCTAA TAAATATGT TCCGTTCCAA	2640
	CAAAATTGTG ATGTAATTTT CTAGCTTCAT CCATCGATAA TTCAATGACT TTTTtagctc	2700
	TAGGTGTATA ATGCAATGTA CCAACATGAT CTTGACCATG TCCGATTAAT TTTTCAACTT	2760
25	CTTCAATTAC TTTATCTTCA GTGATATTAA AACTTTCTAA TACTTTTGCA GCAATTCCTT	2820
	CAGGTTCTTT CATTAACCCC AATAATAGGT GTTCTGTTCC TATATTTGAA TGATTTAAAC	2880
	GAATTGCTTC TTCTTGGGCA TGTGCTAATA CGCGCTGTGC ACGCTCAGTT AATCTACCAA	2940
30	ATAACATAAA TAATGACCTC CTACTTTATA TGTTCTCTTA GTATATCTGC TCGTTTTTCT	3000
	TTTACAGATT TGTCATCTTC TTCATCTAAT AAAAATGGTG ACTGTATAGC TACCATCAAT	3060
35	TCATTAAATT TAAAGTTTTG TAATTCAATG TAATTTAAAT CTATACCAAG TTAACTcGC	3120
	TTAATCTATA AGAAGCCTCT TCCATAGTTA TCATTCTACA GTTTTGTAAG ATACCTAGCG	3180
	AGCGAAAAAC ACGGTCTTGT GTTTCTAATT GATTATAAGT GTCTAACTTT TGTCGTATTT	3240
40	GTTTTTCTTC ATGAATGATT TGATTAAACA CTTCTGTAA TGTTCCTATG ATTTCTAACT	3300
	CAGATTTACC AAGTGTAAGT TGGTTGGATA CTTGATAAGT ATGTCCATAA ACTTGCGAAC	3360
	CTTCACCGTA AATACCTCTG ATTGTATATC CAAAACGATT AATGGTTTGA GCAATCCGTG	3420
45	TCATTCTTTT CATAATAGAT AGACCTGGCA AATGTAGCAT CACGCTTGCT CTCATACCAG	3480
	TACCTATATT GGTAGGACAT GTAGTTAAAT AACCAAGTTG TTCATCATAA CTTATATCAA	3540
	GGCTTCGATC TAATTCATCA TCAATTGATG AAGCTTGATT ATATAAGCC TGTAATGTCTG	3600
50	TGTCAGTTCC CATAGCTTGA ATACGAATAT GGTCTCTTC ATTTATCATG AACTTAAAG	3660
	ATTCATCGTC ATTCACTAAT ACTGCGGCTG CTGGTTGTTT TATTAGTTCA GGACTAATCA	3720
55		

	GGTATCTTTC AAAGATAAAA TCTTAATAAT TTCTTAGTAA ACTCTTTTCT CTAGATTTAT	240
	CACAATATTA TATAGACCTA TTTTATTTTG ACGTAAGTTG CTAGTATCTT CAAACAAAAA	300
5	ACCTTTATAA AAATTCATAC CTTTATGCTA TCGCTGTAGG CTCATTAACT TGTTACATAT	360
	AATTCCTAAC TATCCTTTGA TGATTGTTTT ATTAGATTGT TTCGTTGATG GATACTTTCA	420
10	CGAATTTCTA TAGTTCAATG CTAATAAAAA AACAGCCCAA AACTTTAATT TGTTTTGGAC	480
	TGTTTTATAA TTATGCTTGC GATGGTGTTT TAGTTTCTGA AGTTTGTTCA GCAATGTCAT	540
	ATTTAAACTC TTTACCATCA TGATCTACTG TAACTTTCTT ACCTTCAATT TGATTACCAT	600
15	CTAATATTAA TTCACTTAAA TTATCTTCGA TAGTTTTTTG TATCGCTCTA ATTAATGGTC	660
	TTGCACCATA TTCTGGATCA TATCCTTCTT CTGCGATTTT GTCTTTCGCT TTATCAGTTA	720
	CAATAATATT TATGTTTTGT TCAGATAATC GATTGTGTTAA TTTATTAACC ATCATTGTTA	780
20	CAATTTCTTT TAATTCCTTCT TTTGTTAGTT TATGGAATAC AATGATATCA TCTACACGGT	840
	TTAAAAATTC TGGACGGAAT GAATTTTTTA ATTCTTTTAA CATCGTTTTT CGAATTGTTT	900
25	CATAATCTTG TCCATCACTT GAACCACCGA ATCCAGCAAA TCGTTGATCT TGTAATTCTT	960
	GTGCCCCAAC GTTTGATGTC ATTATGATAA TTGTATTTCT GAAATCAACT GTACGTCCTT	1020
	TTGTATCTGT CAAATGTCCA TCATCTAAAA CTTGTAATAG AATATTAAAT ACATCTGGAT	1080
30	GAGCTTTTTTC AATTCATCA AATAAAATTA CAGAATATGG TTTACGTCTA ACTTTTTTCAG	1140
	TTAATTGTCC ACCATCATCA TGACCAACAT ATCCTGGAGG AGCACCAACT AATCGGCTCA	1200
	CTGCGTGTTT TTCCATAAAT TCACTCATGT CTACACGGAT CATCGCATCA TCATCGCCAA	1260
35	ACATTGATTC AGCTAAAGCT CTAGCTAATT CAGTTTTACC AACACCAGTT GGTCCAAGGA	1320
	AGATAAAGCT ACCAATTGGT CGTTTAGGAT CTTTTAACCC TGCACGGGCA CGTCTAACCG	1380
	CTTTACTGAT TGAATTAACA GCATCTTTTT GCCCAATAAC TCTCTCATGT AATGTATCTT	1440
40	CTAGACTAAG AAGTTTTTCA GATTCTGTTT CATTGATTTT AGTTAATGGG ATACCTGTCC	1500
	ATCCTGCAAT AACTTCAGCA ATATCTTCTT CTGACAATGA AGTTGaCATG CCATTTTGTG	1560
45	CATTCTTCCA TTCATTTTTA GCTTCTTCAT ATTGCTTTTC AAGTTTTGTT TGTTTATCAC	1620
	GCAGgTTAGC AGCATTTTCA AACTCTTGAG CATGTACTGC GGCATCTTTT TCATTTTTAA	1680
	CTTTTTCAAT TTCTTGTTCA ATTTCTTTTA AATTATTAGG TGTCGTATGA CTCTTAAGTC	1740
50	TACTTTTAGA ACTTGCTTCA TCAATTAAAT CAATTGCTTT ATCTGGTAAG AAACGATCTG	1800
	AAACGTATCT GTTACTTAAT TTAACAGCTG CTTCAATAGC TTCGTCTGAA ATATTAATAC	1860
55	GATGGTGTGC TTCGTAACGA TCTCTTAATC CTTTTAAAAT AGCAACTGTA TCTACTACTG	1920

TAGATATTTT AAGCTGATGT TGTAATGCTT CGTTAGGATA TAATGCCAAT AGATATAACG 3960  
 TAAAGTGTA GACAATTATC GTCATAAACA CACCAACTAT CATTCGCCATT GCACGACTGA 4020  
 5 AAATATGAAT GTTTTGATAC GCTATTATTT TATCAAAAGT TACGATAATT AGATATAAAA 4080  
 TGAACCTACA AAACAATGTA ATCATTAAAA AAGCTACAAT CGCTTCAAAT CGATTTTGTA 4140  
 10 GATGATTAAT ATGAAACGCA AAAGTTGTAT TAAATGCTGT TGTTTTAGGA TATGGAATAA 4200  
 ATACAATTAA TCTTCTACA ATAGATTTGT AAAATTGACT GGCAATCCAC AATGATACAA 4260  
 nCGTTGCACT CAAATGTATC ATAGATAACC AAAAACCTCG TCTGAATCCA ACGATGACAA 4320  
 15 AATACACAAA GAAAATGATT ATGATAAAAT CAATGACCAT TTATTGCTCA CGCTGCTGCA 4380  
 ATTTGTGAAT TTGTTGTTTC AAACGTCGAT TTTTTTCTT CTAGTAGTAC TTTTTCATGC 4440  
 ATAATATTCA CAGCAGTTAG TATTGCTTTT CTTGAAGTAT CTAAACCTGC TGCTTTATAC 4500  
 20 CCTAATTCTT TTATTTTATC ATCAACTAAA TGTGCTACAT ATCGTATGTG CTCTGGGTTA 4560  
 TCTTCCCCAA CAATTGTAA AAGCTGATCA TTAATTGATA CATTTACCTT GTTTTAAAC 4620  
 TGTGTCATTT ATAATTTCTC CTGATCCTTT TTTTAAATC TAAATTCACG TTATAAAATA 4680  
 25 TGAAGGATA GTTTGTCTGA ATTTGATACT AATATTGTTA TATTGCAATT ATGATAAAAC 4740  
 AACAAACAA TCTCTATAGA TGAAGTAAT TTCTTTTAT AATGAAATAA TGTAAGAAT 4800  
 TTTCTATTCA ATACTTTATC ATGTTTAAAT TGTGTCAC TAACATTTTC ATAAACATTA 4860  
 30 TACATGACCA CTATGTATTT TGTAAGTATC CGCAATTAAT TCTTTACAAC ATACATAAAT 4920  
 GTTCTGACG TTATTATCAT TTATGATATG ATTATTTTTC CTAAAGACAA TGAAATTTTA 4980  
 35 TGAAAGGATT TACACAAATG GCGAATATCG TTTTAAATT GTCGGATAAA GACATAACGA 5040  
 CATTAATGTC ACGCATTTCT TTGATACTG AGAATTTACC TCAAGGnATG AnAGCACGTG 5100  
 CAAAGTATCC AAAATACAAC TGTAATATT TACCAT 5136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 333:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4239 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 333:

GGCCAAAATT GCACCTCCAC TTTCTTTGA ACAAATCTAT TTAAACGCA CATTCGCCATT 60  
 ATGACAAAATT AAATGTGAGT nACATTTGTT TGTATTTTAA CATGACTACT AACGCAAAT 120



	TCACGCGATA ATGCGTTAAT CACTCTATCT TTTGTTACAA ATCCTTTTTG CGCAGTTGtA	2160
5	CGCCATAATT CATAAAATCT AAATGATTTG TATGATGCGC ATCAGTGTTA ATAGTTAATT	2220
	TCACATTTGG ATATTTACGA ACGATATCAG CGCTCAGATC CAGTCGATGT GGATTGGCAT	2280
	TAATTTCTAA TACTGTATTC GTTTCTTCAG CTAATGCCAT TAATTGTTCA ATATTCGGTT	2340
10	TATAACCATC TCTTCTACCT ATAATACGCC CTGTTGGATG CGCTATATGT CGCACGTATG	2400
	GATTGCGACA TGCATTAGCT AATCGTTCCA TAATTTGTTT TTCTGATTGG TTAAAGCTTT	2460
	GATGAATAGC TCCAATTACA TAATCAAGTT GTGCTAAAAT TTCATCATCA TAATCCAGCG	2520
15	AGCCATCAGG TAATATATCC ATTTCTGTAC CTGAATAAAT ATCAATTTCA CTATATTCTT	2580
	TATCTAAAGC CTTAATTTCT TCGTTTTGTC TTAAAAGTCT TTCTACTTGT AAGCCATTAG	2640
	CAACACGTAA ACTTTGTGAA TGATCAGTAA TTACCATGAA TTTATAACCT TTTGCGATAT	2700
20	TTGCTTCTAC CATGTCTCGA ATAGAAAACG CACCATCACT ATACGTTGTA TGCATATGAA	2760
	TATCACCATT AATATCATCT ATTGTAATGA TATTACTTAG ATCTTTATCA AATTCGCTAC	2820
25	CATCTTCTCG CATAGCAGGT GGTATAAAAT TCACATTAAA ATGTTTCATAT ATCTTGCTT	2880
	CACTATCATA TTGAATTAAT GTACCATCAG CTTGTTCAAT TCCATATTCA CTTACTTTTT	2940
	CATCACGTGC TTTAGCAAGT TGTCGAATTC TTATATTATG TTCTTTTGAC CCAGTAAAAT	3000
30	GCTGCAATGT ATGATAAAAA GCACTTGGTT CAATTAATCG AAAATCGACA CCAATCGTTT	3060
	CATCATCATA CGCTAATTCT AATGAACTT TTGTGTTCCC CACTGCAACT TCTTTTACTT	3120
	TATTGGGAAT ATTTAATAAT TGCTGCTGCA CTGCTTTTGG GTTATCGGTA CTTATTATGA	3180
35	AATCTAAATC TTTGCTCATT TCTTTAAAAC GACGGAAGCT TCCTGCAGAT GAATATTGAT	3240
	CGATATAATT TAATGTATCT ATATAATCAA TGATTTCTTG ATTAAGTCTT CTCATTTGAT	3300
	CAATTGGATA TCTATCTTTC TTAGCACCAA GTTGTTTCAC AGCTTCTAAT ATGTTTTGTT	3360
40	CCGTTTTCTT AGCAAATCCG CTTAATTCAC TAACTTTTCC ATTTTCACAA GCAACTTGAA	3420
	GTGACGCTTT ATCAACAATA TTCAACTCTT TATATAGCTT AGCAATTTTC TTGCTTCCAA	3480
45	GTCCTTGAAT TTTCAAAAGT GGAATAAGAC CTTCCGGAAC TTCTTCCTGT AATTGCTGTA	3540
	AATACTGAGA TTCACCGGTC TCACGGTAAT CATTGATTAC TTCTGCAACA CCTTTACCAA	3600
	TGCCTTTtAA CTCCGTtACA TCAGATATTT CATCTAATGG TCGTTCATCT AATTCAAGAC	3660
50	TTTGAGCTGC TTTTCGaTAC GCTGaTATTT TAAAAGTATT TTCCCCTTTT AATTCCATAT	3720
	AAGTAGCAAT TTGTTCTAAT AGTTTGATAA CATCTTTTTT TGTcATAATA AACTCCATA	3780
55	AAAAGAAGAC CAGGACGTAT CATTAAATATA TACCTTTGTC CTGACCTCTT ATGATAATTT	3840

	CTTAATCTTC TGATTTGCTT TktCTTTTCGC TTCCTCTATT AGAGACTTTT CATAATTTTG	360
	GAATTGTTGA TACTGCTTAG ATAAATCATC ATGCACTTGt CCGCKtskTT TACAAGACGG	420
5	TCCAGkTCTA ACCTCTGTGT CTCTACACGT TTGTAATTAC GCTCTAATGA TTCAATCATT	480
	TCATTTATTT CTTTTTCATC AGTACCAATC ATCGTCTTAG CCTTATTAAT AATATTCAAA	540
	CTAAGACCTA ACTTTTTAGA AATGTCAAAA GCATTTGAAC GACCCGGCAC ACCCATTAAAT	600
10	AACTTATACG TTGGACTCAA AGTATCTACA TCAAATTCTA CACTCGCATT CATAACGCCT	660
	TCTCGATTAT AACTATATGC TTTAAGTTCA GGATAGTGCG TCGTTGCCAT TACTAGAGAA	720
	CCAATTTTTC TAACATGATC TAAAATGCTC ATTGCTAATG CAGCACCTTC ACTCGGATCT	780
15	GTACCTGCAC CTAATTCATC AAATAAACT AAATATGTT TGTCTGCATG CTTTAAAT	840
	TCAACTATAT TCGTCATATG AGATGAAAAA GTTGATAATG ATTGTTCTAT TGATTGTTCA	900
20	TCTCCGATAT CGCAATATAC ATTTTTAAAT ACACCTAACT GACTACCATC AAGTGTGGGA	960
	ATCAACAATC CTGATTGAGC CATAACAATA ATTAAACCTA ATGTTTTTAA TGTTACAGTT	1020
	TTACCACCTG TATTCGGTCC TGTAATAATT ACCGTTTCAA TATCTTCCAT AAATTCGATG	1080
25	GTATTAGCTA CAACAGTCTC ACGATTTAAT AATGGATGGT ATGCTTTAGG TAAATATACA	1140
	GTACGGTCCT CTTTAAATAT CGGCTTTGTT CCTTTAATAC TTCTACTATA TCTCGCTTTT	1200
	GCGATTAAAA AATCTAACTG ACCCATGACT TGTTCTGCCA CAAGTAGTGC ATCTTTGTCC	1260
30	GCAGCCACAT AACCAGTTAG TTGCGTTAAA ATGCGTTCTT TTTCAATTGC TTCGTCATGA	1320
	CGTAATCGAC TAATTTGATT ATTCAATTTCA ACAACTGATG ATGGCTCAAT ATACAATGTT	1380
35	TGTCCTGAAG CAGATTGATC ATGTACAATC CCATTAAAAT CTTGTCGATA TTCAGCTTTG	1440
	ACAGGTATAA CGTTTCTTTC ATTCCTAACT GTTACAATAG CATCTGATAA TTTTCTCTGA	1500
	TTTGCTTGGC TTTTAACAAT ACGGTCCAAA TTTTGTCTAA TACGTTGATT CGTGCTAGAA	1560
40	ATTTTACTTC TAATCCCTTG CAATTCATAA CTCGCATTAT CATATAAATC ATACGTATCG	1620
	CATGTTTCAT TTATTTGTTG AAAAAGATCA GTTAACACAG GTAATTGATT CATCTTGTC	1680
	TCTAATATTG GGTATTTAAC ACCTTCATCT TCTTCAACCA ATTGATTATA AAATGTCTTG	1740
45	AATTGATTTT GTACTTGAAT TAATCTTTTT ATCAAGTTAA GCTCTGATAC ATTTAAAACG	1800
	CCGCCAATAT CAGCGCGATG AATGAATGCT GATACTTTAG ATAAGCCACT CAAGCTTGGT	1860
50	AAACGATGCT TATTATAGAT TTGAGCAATC TCATCCGTTT CTTCCATTG AAAACAACC	1920
	GTTTCAAAAT TAGTAGCTGG CATCATTTGA TTGACCTTTT CCAAGCCTAA GTCACATAA	1980
	GTTTCATTGG CAACGAGTGA TTTTATTTTT TCAAATTCTA AGACGTCTAA TGTTTTTTGT	2040

55

GCTTTAATTA ACAATTAAAG TTATTAAACT AACCAAAAGA TAAAAAAGAG TATTGATTTT 300  
 TTAATTAGAA AAGTGTTAAA ATTATGTGGT cGcGCTTTTA GAGCGCCCAT TTCGTcACGA 360  
 5 AATGTTAAGA GTGGGAGGGC AAAACTGAGC CCTGTGACCA CATCACGATA TCAAGGAGGT 420  
 GCACATCGTG GCTAAAAAAG TAGATAAAGT TGTAAATTA CAAATTCCTG CAGGTAAAGC 480  
 10 GAATCCAGCA CCACCAGTTG GTCCAGCATT AGGTCAAGCA GGTGTGAACA TCATGGGATT 540  
 CTGTAAAGAG TTCAATGCAC GTA CTCAAGA TCAAGCAGGT TTAATTATTC CGGTAGAAAT 600  
 CAGTGTTTAT GAAGATCGTT CATTACATT TATTACaAAA ACTCCACCGG CTCCaGTATT 660  
 15 ACTTAAAAAA GCAGCTGGTA TTGAAAAAGG TTCAGGCGAA CCAAACAAAA CTAAAGTTGC 720  
 TACAGTAACT AAAGATCAAG TACGCGAAAT TGCTAACAGC AAAATGCAAG ACTTAAACGC 780  
 TGCTGACGAA GAAGCAGCTA TGC GTATTAT CGAAGGTACT GCACGTAGTA TGGGTATCGT 840  
 20 TGTAGAATAA TTTTACGAAT ATTAAATTTG ATTACATGAT TTAAACGATG AAGCAGATAA 900  
 CAGAGATAAT AATGATGAAT TATAAATATA ATCTGAATGA CTAGATTAAT GATTGATTTA 960  
 25 TTCATAAGAT TAATTCTTCT GTTGTCTGcy CTTAACTTGC ATATAGCAAG TAATGTGGGA 1020  
 GGAAATTCCG CTAAAACCAC TAAAGGAGGA ACTATAAATG GCTAAAAAAG GTAAAAAGTA 1080  
 TCAAGAAGCA GCTAGTAAAG TTGACCGTAC TCAGCACTAC AGTGTTGAAG AAGCAATTAA 1140  
 30 ATTAGCTAAA GAAACAAGCA TTGCTAACTT TGACGCTTCT GTTGAAGTTG CATTCCGTTT 1200  
 AGGAATTGAT ACACGTAAAA ATGACCAACA AATCCGTGGT GCAGTTGTAT TACCAAACGG 1260  
 AACTGGTAAA TCACAAAGTG TATTAGTATT CGCTAAAGGT GACAAAATTG CTGAAGCTGA 1320  
 35 AGCAGCAGGT GCTGACTATG T 1341

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 332:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40 (A) LENGTH: 5136 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 332:

CTCTAAATCT TCAATAGGTA ACTTCATTTT AATAATTCCC ATTTGAACAA TTGCTTCTTC 60  
 50 ATCATTGACA ATTTCTAAAA CTTCAACCCTT TTGACCGTAA GAKAATACTT TkACTTCATC 120  
 ACCAGCAACA ATTTTATCGT ATTTTGTGCTT TTGTACATTT TGCTTTATAG ATTTTCGCTTC 180  
 55 ATAATGATCA TCTAATCGTT TCTTCTTATC AATCAATTCA TGTTCCTTAA CATCTGCACC 240

GTATCTACCA TTCCTGGAGA AATGCTTGTT ACTTTAACGC CTGTCTTTGC CAACTCTTTT 660  
 TCTAATCCTT GAGTAATAGT GTGAACTGCT GCTTTCGTCG CACTATAAAT CGTACTACTT 720  
 5 TTCGTTACTT CAAAGCCAGA AATAGATGcA ATGTTAATAA GATGGCCACT TGATTGTTCT 780  
 AACATAGTTG GTAATGCAGC CTGTGCCGTA TATAAAGTGC CTTTGATATT CACATCAATC 840  
 10 ATACTATCCC ACTCATCTAC TTGATAATCA GTAATCTTAG ACGACAACAT TTGCCCCGCA 900  
 CTATTGATAA CAATATCCAA ACCACCGAAT GTTTGTTGTG CAATTTTTAT CAATTCATCG 960  
 ACTTCTTCTT TATTCGTTAC ATCTGTTGGC ACTACCTTCA CACTATCTTG TGACAATTGA 1020  
 15 TTCGCTACGT TTTGTAATTT TTCTTTATTT CTACCTGCTA AGACAACTTT TGCCCCTTCT 1080  
 TCATGTAGTA ATGTTGCAAT TGCTTCTCCA ATACCACTAC CTGCACCTGT AACTACTGCT 1140  
 ACTTTATCTG TTAATACTGT CATAATGATC GACTCCTTTG ATTCTTTTTA TTTTTTCAGG 1200  
 20 GTAAATCATA AATACATATT ACTTTTAAAA AGCGTATCAC AATTCATATA ACGGTCATAA 1260  
 TAACTCGCTT CATTTTCATA GATAAATTAC ATTACAAGCC ATTCGAAACA TACAATTAAT 1320  
 CGTTGCTTAT ATTTTTTATT TTTAAAAATG TTGAAAAATC GTCACCTCTT TATTGTAAAA 1380  
 25 ACATTATATT AGTAATAAAG TTAATACTGT GnATTTaTCA TTCGATTGAA TGATTAGAGG 1440  
 GAGGAATAAA ACgTGACATA TCATGAGCGT GTTTTAGCAT TAAGAGCAGA AAGTAAAAGA 1500  
 30 ACCGCATTTG ATTTTCGATT CGAAGATTTA TTTAGCAAAG AAGAATGGcT AAGTATGTCT 1560  
 CTTGCAGAAA GACAAAAAGC TGAAAAAGCA TTTGACACG AgTTAAAAAT ATGGACGATG 1620  
 TAAGAATGCC CTTCTCAAGT GTCCATGACG CCAAGTAAA ATTATATAAT GTTGTATATT 1680  
 35 CTTATAACGG CaTTAAACGT AATTTTAAAC AAGTTGAAAA TGGAAGGATT CTAATATCAT 1740  
 TTCGTTTATA TATnGCAGAC CATGGATAGA ATTTTnTATG GThAATCC 1788

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 331:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1341 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 331:

50 TAAGCCAAAT CCATTGTTAC CAGAAGAAGT TCGCTTCATC TTAAACAAA TGGGTCTTAA 60  
 AGAAAAGACT ATCGATGTTG AACTCGAAGT TGGCGAGCAA GTTCGTATTA AATCAGGTCC 120  
 ATTTGCGAAT CAAGTTGGTG AAGTTCAAGA AATTGAAACA GaTAAGTTTA AGCTAACAGT 180

TTTAAATTAA TTTTATGTAA TATAAATACT GCATTTGCAA ACTGTTGCAC TTTTAGGTAT 1440  
AACAGAATTA ACTACATTTA AGGAGATTGA TGAACCATGA AAAAGAAAAA AGGTTTTGGT 1500  
5 CTTGGTATTA GTTTAATCGC CATCATGTTA ATTGTATGTA TTGTATTAGT AATCATGATG 1560  
ATGACTGGCG GAAAGAAAGA TACATACTAT GGAATTATGA AAGATAATAC TACTATTGAA 1620  
10 AAAATGATTA GTGAAAAAGA TGAAAGTATT GAAAAAATG TTAAATTACC TTCAGATTCA 1680  
GATGTTAAAG TTAAAAAAGG TGATTTTGTG ATTGTTTATA AATTAGCAGA TTCAGATAAA 1740  
ATTGTTAAAG TTAAAAAAGT TGACCATGAC GATGTACCAC ATGGTTTAAT GATGAAAAAT 1800  
15 CATGACATGG GCAAAATGCA CATGAAACAC TAATTGTAAT TTAAATTACA AATTTTAGTT 1860  
GCCATCAAGG TATATACGAG TAAAAGCAGC GGTAAGTTGA TTTCCAATTT GGAATCATTT 1920  
TACTGCTGCT TTTTATATTT GAAATACTTT CATATTGAAT AGCTCCACTT GCCGTTTCGCC 1980  
20 TgcgCTTTGC GCATGCATAA AAGCCCCTAA CAACCTGAGG TCACTGCGCT CCGGTTTCGCC 2040  
TGcgCTTTAG CGCATGCATA AAAGCCCCTA ACAACCTGAG GTCACTACGC TTCGGTTTCGC 2100  
CTGCGCTTTA GCGCATGCAT AAAAGTCCCT AACAACCTGA GGTCACTACG CTTCCGTTTCG 2160  
25 CCTGCGCTTT AacATGGCCA TAAAAGC 2187

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 330:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1788 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 330:

CCnCCTTTTT AAACCTGGnG AAATGtmCAG tTTTGATGGt ATTGGGtTCT TTAGTATTAT 60  
40 GCTTAAGATA GAGTGTAATA CGCTCCTGTT GTTCTTTATA GTATATTGCT TTTTGTTTTT 120  
CTTTTTCGTC ATATTTCACT TTAAATAAA TGACTGATGC AACTATACAT ATACATAAAA 180  
45 TGACACCAAT AATTATAAAA ACATGTTTTT TGTTCAATTA AGTAACTCCT AAAATGTGGT 240  
GGAAAATGAA AAAATTTTTTA TAATCTATAA TTATGAACAT TACAGATTAT AAACCATAAC 300  
ACTAACATCG TCGCCTTCAT TAACTTGATT GTTAAATCA GCAATTACTG AGAATTGTAC 360  
50 AAGGAATAAT TGCCTATTAT GCCCTCATGT AATTATTGCC TTAATAACAT TAACAAAATC 420  
GATAGCTATT ACATTAAATG CCTATACCCC AGACCTCAAA CACCTTTTTTA TACAGGACGC 480  
55 ACTGTAATTT CATYYACGTT AACGTGCTTT GGTTGTGTTA ATGCATATAA TACTGCTTCT 540

TAAAAAATCC TAGCTGTTAT TCAAAAATAT TAGTTTTTAA AA

3642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 329:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2187 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 329:

15	TTATTGATAT TGAAAATTCA AAAACTGCAA CACATCTTAT CACTAAAAAC CAACACTATC	60
	ATCAAACTGA CACTCATTTT GAACAGTATA AGAAATTTAT TTTAGATTCA GGTATATCAT	120
	CAACACAATT TGTATATAAT AACCTGTCTG TAAGCGGATT TAAATATACT AATGATGGTA	180
20	AGAATCCAAT TCAATTATCT GACATAGTGT ATCACTTAAT CGCATTATTA CGATATGGCG	240
	GTGGCATTAG CTATCAATTA TTAGATGACC ATTCAAATTA TATTTCTTG TACAACAAAT	300
	ATGGTAGCCC CCTACCATTA ATGCATTTAT ATAAAATGTT TAGACCTTTT GTTAATGAAG	360
25	ATATTGAAAT TACAAATAAT TATGTATTGA GTCGTAAAGA TAATAACTAC CATTTCTTAT	420
	TATTCAATAA AATTAATGAT CGATATATGT CAGACGTAAA ACAAGATTTT ATTTTCCATA	480
30	ATGAATTACC TCAAGACTCT TTGATGATTA TTAAAACATT GAATCATGAA CATGGTTCAA	540
	TTCAACATTT GCTTCCAATA AGCGATCAAC TTGTTTATAT AGAAAAAGAA ATTTTAGATG	600
	AATTAGACAA AACGAATTAC CCTAAAACGG AGCTTGCACT TCAAGAAGAA ACTGGTCGTA	660
35	CATTTGAACT CAAGTTAAAT CACGACGAGG TTAAATATAT TTGCTTTAAA CCAAGCTAAA	720
	TACTAACAGT CCTCTTGTGT TTAGTTTCTT ACGTTAAAGG CTATTTATAT CATAAGGAGA	780
	TGATTTGTAA TGAGTAACTC ACAAGCAATT CAAGCAATTG AAAACGTGTT AGTAACGTCA	840
40	AAAGTTGGTG TATTATCAAC TGCATATAAT AATAAnCCTA ATAGTAGATA TATGGTCTTT	900
	TATAATGATG GTCTTACTTT ATATACTAAA ACGAATATCC ATTCTGCTAA GGTCAAAGAA	960
45	ATTAAAGATA ATCCAGCAGC ATATGTTTTG TTAGGCTATA ACGACACAAC TAATCGTAGT	1020
	TTTCGTTGAGA TGGAAGCGAC AATCGAAATC GTTACAGAAC AAGAAGTGAT TGATTGGCTA	1080
	TGGGAAACAC AAGACAAAAG CTTTTTCAGT TCAAAAGAAG ACCCAGAGTT ATGTGTTTTA	1140
50	AGAGTAGTTC CGCAATCCAT TAAGCTAATG AATGATAAAT CATTAGATAC ACCTATCAAA	1200
	ATCGATTTAT AACACAAAGT GTATATAGGA AATAACTTTT ATGAATTCTA GATATAACAA	1260
55	TGTTAAATAC TTAAATAAAC TCGCTATAAT TAAAGTGTTT AATATGTTTA CAATTCAATT	1320

	GTGACTAGGC CTTCTATCA GACATATTCA CTCATCCACG TATCATTATG TGTACAGTGT	1860
	GCTATCTCTT ATTTACCTAT TGGAACAACC ATAACTCAT CCATAGTTTA CCTTTTATAA	1920
5	ATAGCAGTCC TCACTCATAA AATTTCTCAT AAAAATCACA ACGCTCCAAC GTATTTCCAA	1980
	CTTACTTTCA CCTATTTTAA TTCATAAAAA CGACACTTTA ATTGTCATTA TCCAATAATA	2040
10	GCAAGACGTT ATTATTGCAA TCTTTTTTAT AAAATAATAG AATCATAGTA TTGTCATTTA	2100
	AAGATAAAGT AAGAACGTTT TTATTTTTCG GATTTTAA ATTATTATGA ATATCTAGTT	2160
	TTAGGAAGGA AATTACATTG AAAAAACAAG TTATTATTTT GGGCCTCATG TTATTTTCAC	2220
15	TATTTTGG AGCCGGAAT TTAATATTCC CGCCCATGCT TGGCCATACA GCGGGTCAAA	2280
	ATATGTGGAT TGGTATGCTA GGCTTTGCCC TTACAGGCAT ATnACTCCCC TTTATTACTG	2340
	TTATTGTTGT TGCATTTTAT GATGAAGGTG TTGAAAGTGT AGGCAATCGT ATACATCCAT	2400
20	GGTTCGGGTT TATTTTGGCT GTCGTGATTT ACATGTCTAT CGGAGCATTT TACGGTATTC	2460
	CACGTGCTGC AAATGTCGCG TACGAAATTG GTACAAGACA CATTTTACCT GTGCATAACC	2520
25	AATGGACTTT AATTATATTC GCAGCAATCT TTTTGCCAT CGTTTACTGG ATTAGTTTAA	2580
	ATCCATCGAA AATCGTTGAT AATTTAGGTA AATTATTAAC ACCGTTATTA CTATTAATGG	2640
	TCGCTCTATT AAGTATTGCT GTCATTTTCA ACCCTGAATC TGCACTAAGT GCACCTAAGG	2700
30	ATAAATATAT AACACATCCT TTCATTTTCA GAAGTTTGA AGGCTATTTT ACAATGGATC	2760
	TTGTGCTGC GTTAGCTTTT TCCGTAGTCA TTGTCAATGG CTATAAGTTT AAAGGCCTCA	2820
	CAGATCGCAT GAAAATTTTA AAATATGTCT GCTTTTCAAG TCTTATTGCA GCCATATTAC	2880
35	TTGGAATGAT TTACTTTGCA CTGTCATACG TTGGGGCATC AACAGCTCCA GGAAACTTTA	2940
	AAGATGGTAC AGATATATTG ACGTACAAC CATTACGATT ATTTGGTTTCG TTCGGTAACC	3000
40	TCGTATTTGG AATGACGGTT ATCCTTGCAT GCCTAACAAC ATGTATAGGA CTCGTcAATG	3060
	tTGCGCCACA TTTACTAAGA AACACGTACC TAAGTTTCT TATAAAATAT TCGCACTTAT	3120
	TTTctCTATC ATAGGGTTCT TATTTACAAC ACTTGGTTTA GAAATGATTT TAAAAATTGC	3180
45	TGTCCCATTA TTGACTTTAA TATATCCCGT GTCGATTGCA CTTGTACTCA TATCATTTGC	3240
	TAACATGTTT AGCACATTCA GATTCAGTTG GGCCTATCGA CTCGCAACTG TTATTACATT	3300
	GATTATTTCA ATTTTACAAA TACTAAATAG TTTCAACTTA TTACACGGTG TTATTTTGAA	3360
50	ATCGTTTATG ATGTTACCTT TAGCAGATAT CGATTTAGCT TGGCTTGTAC CATTCATGCT	3420
	CTTTGCTATT ATCGGTTTCA TAATCGATGT ATTTATACGC CGTCCGAAAC AAGCGACAAC	3480
55	TTAATAAATG CTCACTGCCT AGTAATGATT GACCCATCGT TACTAgGCTT TTcCATATGA	3540

	ATCTGAnThG AGATAGTGAT AATGTGTCAC CcAATTTTaA AcCtTTATTT TTaAGcGtTT	60
	CaTCaGCTAA CaCtTCaTTa TcTTAGtCG cTTTATGcCC tTcTATTAAA CtCGGaActA	120
5	AAAATGaTGa CtTTTCAACa CCGAACaCTA AAACaTTGtC tTTTTGATGG CcATTAGACA	180
	CAATTTCCCC TGTTTGCTTC AAAGTAGCTT GCTTCTTGTA TTTATTTTCA ATATCTTTCT	240
	TGTTAAAAAC AGATTGTTGC ACAGTTTGAT TGGCATCTTT ATTTAGAACA ATGGCATCTG	300
10	CTTGCCACTT ATCAATGCCT TCTTTATTCA TATTGATAAG ACCATTGCGC AATCCAGATA	360
	ATAAAAATAG CAAGTAACTA ATCATCGTTA ACACACCAAT AATTAGTCCA AACTTCAATT	420
	TGTTGCGCCG TATTTcATTc CAAGCTAAAA ACATGCATTT CTCTCCCTAC TACTATGATT	480
15	TAAACATTGT TTATATTCTT AGATGCACGT ACGTCGTGTT GCGCTCTGTA ATGTTATACA	540
	TACACTTATC CTTCATTATA CCCGAACTTT TTATATTAAA AGCAAATTTA TGGAAAATGC	600
20	AATTAATTGT CTATTATTTT TGTACGGTAC ATTTAAAATT AAGGATCAAT TTAAAAACGC	660
	CTACATATAC CTTTAAGTAC ATGTAGACGT CCAATTCATA TATTATTAA CTTCGCCTGT	720
	TTTAGGATCG AATTGCTTAA TAGCATTTTT ACGTAATTTA TCTTTTGCTT TtTCACTTGC	780
25	TTTATAGTTA TTGTTGTAAA TCGTAGCTTC CCAACTACCA TACATTGGGT TAGGGAAAAT	840
	GATATATTTT TTACCGAAAT CGTCTTTATG TTTTCAATT AATGCTTCAC GAGATTCAGC	900
	TGTAGCTTCT TTTGGATCTG TAAAGTCTAA TAAATTATCT CCAAATAGCA TGACAAGTTT	960
30	ATGATCCTTT TGAACCATTT GTCTGCGTGA TTCTTTACTC TTATCATCTT TACCTTTTAG	1020
	TAAAATATGA CTCTTCTTAG CTTGAGGGAT ACCTTGTTGT TTTAAGTTCT TTTGTGTTGC	1080
35	CTTTAAATCT TTTTCTTTAT CTCTATCAGA AATATAGTAG ATATCGACAC CTTTTTTGTC	1140
	AGCATATTTT AAGAATTCTT TTGCGCCATA GACAGGTTTA GCTTTAGCAG cTTGTACCCA	1200
	TTCATGCCAA CCTTCTGGGA AAGGTTTATT ATGTATTGAT GCATAGCCTT GATATGGAGA	1260
40	ATTATCTAAA ACTGTTTCAT CTAAATCCAA AGCAATAGCT AACTTATGTT TACCTTTATT	1320
	CTTTTAAATC TCTTTATCTA ACTGTGTCTT TGCACGTGTA TAACCTTGTA AATATAATGC	1380
	TTTTGCTTCA GCTGAATTTT GATACCAAGC CACTGCCATA ATATTTTGAT TACCAAGATT	1440
45	CGCCTTTTGT GATGCTGGTA TAGAAGCTTG TTGCGTTTGT TGAACCTCAG CAGAACTTTT	1500
	GGCAAACGCT GTAGAATTTG TCGTTTGTGG TGCTGAAACT GTAACCGCTA CCGATAATGA	1560
50	TGCTATTGCA ATATACTTTG AAATTTTATT CATCTTATCA CCTCATGATT AATATTTAAA	1620
	ATACAGTTAA AATTATAAAT GCATTTATTT AATATTGCTA TACTATGAAA AGATATTTAA	1680
	TATTATTTCT TGgAAAAGCT AACAAATATG TGAACATTTT ATATAAGCAT GATTTAATGG	1740
55		



TCCACATGAA TTGTATGACC TGTAGCAGAA ATTAATTTAC ATTTACTATT AGGAATTAAA 2640  
 TTTGCCATTT TTTTCGCAAT CTGTACAAAT TTTTCATCAT ATTCTCCAGC TAATATTAAT 2700  
 5 GTTGGTACTT TAATTTCTnT CAGCGCGGCC ATAAGTTTGG CATTG 2746

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 327:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 900 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 327:

TAATGTTTAG TTTATTAACA GTAAGTTCGT ATATCAATGT TTAGTGCTCC CAAAATTGA 60  
 20 AGTTTGAATT TTAAGAGCAT CTGTAGAAT TTAGTTGTAT TTTTTTCAA GAAATTCATT 120  
 TTGATTATTT TTGATAATGA GCATTTTAAT AGTAATACAT GTTTATAGTG TGTAGTATAT 180  
 GTCTATACTA GTAGTAACTA TATAGAGAAA GTAGGAATAA ACTATGTCAC AAGATGTAAA 240  
 25 TGAATTAAGT AAGCAACCAA CGCCAGATAA AGCAGAAGAT AACGCATTTT TCCCATCACC 300  
 ATATCCCTT AGTCAATATA CAGCACCTAA AACAGATTTT GATGGTGTG AACACAAAGG 360  
 TGCCTATAAA GATGGTAAAT GGAAAGTATT GATGATTGCT GCTGAAGAGC GATATGTATT 420  
 30 ATTGGAAAT GGAAAATGT TCTCTACGGG TAATCATCCT GTTGAAATGT TATTACCTTT 480  
 ACATCATTTA ATGGAAGCAG GTTTTGACGT TGATGTTGCG ACATTATCTG GTTATCCAGT 540  
 35 TAAATTAGAA TTATGGGCTA TGCCAACTGA AGACGAGGCA GTTATAAGTA CTTATAATAA 600  
 ATTGAAAGAA AAATTAAAAC AGCCAAAAAA ATTAGCAGAT GTGATTAAAA ATGAATTAGG 660  
 ACCTGATTCA GACTATTTAT CTGTCTTTAT CCCAGGCGGA CATGCTGCAG TTGTTGGTAT 720  
 40 TTCTGAAAGT GAGGACGTTT AACAAACATT AGATTGGGCA TTAGACAATG ACCGCTTTAT 780  
 AGTTACATTA TGTCATGGAC CAGCAGCACT ACTTTCAGCA GGGCTTAACA GAGAAAAATC 840  
 45 TCCATTAGAA GGATACTCTG TTTGTGTCTt CCCTGaCTCA TTAGATGAAG GTGCAAATAT 900

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 328:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3642 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

	AAATGATTGA ATACGGTAAA TCACAAGGCA GAGATATTCA TTATCAAGAA GCGGTACCAT	840
	CATATGAACA AGTTGATCAA CTTACAAAAG ATAATGTAGG AATTATGATC CTTGCACMAA	900
5	GTGTATCTCA AAACCCTAAT GACCCACATT TAGGACATGC GCTAGCAGTT GTTGGTAATG	960
	CTAAAATTAA TGACCAAGAA AAACCTATTT ACTGGAATCC TTGGGATACA GAATTATCAA	1020
	TCCAAGATGC AGATTCAAGC CTATTACATT TATCATTCAA TCGTGATTAT AACTGGTATG	1080
10	GTTCAATGAT AGGTTACKAA AAAGTAATAT AGATATTGAT TAAAGGCAGG TAAAACTATG	1140
	TATCAACTAC AATTTATAAA TTTAGTTTAC GACACAACCA AACTCACACA TCTAGAACAA	1200
15	ACCAATATCA ATTTATTCAT TGGTAATTGG AGTAATCATC AATTACAAAA ATCAATTTGT	1260
	ATACGTCATG GCGATGATAC AAGTCACAAT CAATATCATA TTCTTTTAT AGATACGGCA	1320
	CATCAACGCA TTAAATTTTC ATCTATTGAT AATGAAGAAA TCATTTATAT TCTTGATTAT	1380
20	GATGATACAC AGCATATCCT CATGCAAACG TCATCCAAAC AAGGTATTGG CACTTCGCGA	1440
	CCAATCGTTT ATGAGCGCTT AGTATAACTA ATTTAAATGA TTCACTTCA TAAAGCGGGT	1500
	TGGCGAGAAT TCAATTTCTC ACCAGCTCGT TTTTTCATTG TAATAATAAT CTTTAACATT	1560
25	TATTCTTTCT CTATTAATTT TTCTCAAAC ATCTTATCTT TATGATAATT AATTAAAATG	1620
	CCCTTTTAAA TTCTTATAAA ATAAAAAGC CACCTATCGT CGCTAATAAA CGACGCAAGT	1680
	GACTTAATAT CATATTCAA ATAACCTATG GGAATTTAGG GAATTGATCG AAGTCAGGAT	1740
30	CACGTTTTTC TTFAAACGCA TCACGGCCTT CTTTCGCTTC ATCAGTTGTG TAATAAGCA	1800
	ATGTTGCATC CCCAGCCATT TGTGTAAAC CAGCTAAACC ATCTGTGTCA GCATTCATAG	1860
35	CTGCTTTAAG GAATCGTAAC GCTGTTGGTG AGTGTTCAT AATCTCTTTA CACCATTGCA	1920
	CAGTTTCATC TTCAACTTTC TCTAAAGGTA CCACTGTATT TACTAGACCC ATATCTAAAG	1980
	CTTCTTGTC ATTGTATTGA CGACATAAGT ACCAAATTTT ACGTGCTTTC TTATGTCCAA	2040
40	CGATACGTGC TAAATATCCT GAACCATAAC CCGCATCAAA TGAACCTACT TTAGGACCAG	2100
	TTTGTCCAAA AATAGCATT TCAGCAGCAA TCGTTAAGTC ACAAACAACA TTTAGTACAT	2160
45	TACCGCCACC TACAGCATAA CCTTTTACCA TCGCGATAAC CGGTTTTGGA ATAATACGAA	2220
	TTAAACGCTG TAAATCTAAT ACATTTAAGC GAGGGATTTG GTCTTCACCT ACATAACCAC	2280
	CATGTCCACG TTTCTTCTGG TCACCACCAG AACAGAATGC TAAATCACCT TCACCAGTTA	2340
50	ATACGATAAC TGAAACGTTT TGATCATCAC GTGCACGTGA AAATGCGTCA ATCATTTAG	2400
	CAACTGTTTT AGGTGTAAAC GCATTGCGTA CTTCAGGGCG ATTTATTGTT ACCTTAGCAA	2460
55	TCCCTTCGTA AAATTCATAT TTGATTTTAT CATATTCTCT AAGTGTTTCC CATGTCTGT	2520

ATTAGGGGCA GATTTATTAA AAGAAACTTT ACCATCTATT ATAGAGGGCA CAAATGAAAG 840  
 CGTACCTCAA GATGATACGC AAGCAACATT TGCTTCCAAT ATTCGACGCG AAGATGAGCG 900  
 5 AATTAGCTGG AATAAACCAG GAAGACAACT GTTTAATCAA ATTCGTGGAT TATCACCATG 960  
 GCCAGTTGCT TATACAACCTA TGGATGACAC TAACCTGAAA ATATACGATG CTGAACTCGT 1020  
 TGAGACTAAT AAGATAAACG AGCCTGGAAC CATTATAGAA ACGACTAAAA AAGCCATTAT 1080  
 10 TGTGCTACA AATGATAATG AAGCTGTTGC AATTAAAGAT ATGCAATTAG CTGGGAAAAA 1140  
 GAGAATGTTA GCTGCCAATT ATTTAAGTGG TGCGCAAAAC AACTAGTAG GGAAGAACT 1200  
 TATATGATAG AAAACGTGAG AAGTCTTGCT TTTGACACGA TTCAAGATAT ATTAAATGAA 1260  
 15 GGTGCGTATA GTAACCTGCG TATCAATGAA GTGTTGTCAG AAAATGAATT AAATGCAATG 1320  
 GATAAGGCTT TATTTACAGA AATTGTCTAC GGAACCGTTA AAAGAAAATA TACGTTAGAT 1380  
 20 TTTTATTTA 1389

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 326:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2746 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 326:

TTTGCTAATA ACAATAAAGC CAAAGCCGAT TCACACTCTA AACAGCTAGA AATTAATGTT 60  
 35 AAGAGTGACA AAGTACCTCA AAAAGTAAAA GATCTAGCAC AACAACAATT TGCTGGTTAT 120  
 GCTAAAGCAT TAGATAAACA AAGTAATGCA AAAACTGGTA AATATGAACT TGGCGAaCTT 180  
 TTaAAATTTA TAAATTTAAT GGTGAAGAAG ATAATAGTTA CTATTATCCA GTTATAAAAG 240  
 40 ACGGTAAaAT TGTTTATACT TTAACACTTA GTCCTAAAAA TAAAGATGAT TTAACAAAT 300  
 CAAAAGAAGA CATGAATTAC AGTGTTAAAA TTTCaaCTT CATCGCTAAA GATTTAGACC 360  
 AAATTAAAGA TAAaAATTCA AATATCACTG TTCTTACTGA TGraAAAGGG kTTTATTTTG 420  
 45 aAGAAGATGG cmaAGTTAGA TTAGTAAAAG CTACGCCTCT ACCTGGTAAT GTAAAAGaNa 480  
 AAGAAAGTGC TAAaACAGTT TCAGCAAAAT TGAaACAAGA GTTaAAAAAT ACAGTAACAC 540  
 50 CTAATAAGT TGAAGAAAAC GAaGCGATrC AAGAAGATCA AGTTCAATAT GAAATACAT 600  
 TAAAAAACTT CAAAATTwGA GaACAACAAT TCGATAACTC ATGGTGTGCA GGATTCAGTA 660  
 TGGCAGCATT ATTAAATGCa ACTAAAAATa CAGACACTTA TAATGCACAT GATATTATGC 720  
 55

TCTCGTACTA AATATTGGCT AGTATTTTTT TAATTAAATT GTCTTCTTAT ATCAACTTTT 4440  
 TGTGTGTGTT TCTTTCGTTG CTGGTCTACT TTGATTGTGT TACCTACAAT CAGAAGTAAA 4500  
 5 CCCATAGCAA TACTTAAACT AATCATTGAT GATCCACCAA AGCTGATAAA TGGCAATGGC 4560  
 ACACCAGTTA ATGGAATTGT TGCCGAAATA CCGCCAATGT TTACAAACGT TTGACTTCCA 4620  
 AAGTATGTGG CAATCCCAAC ACACACAAGT TTATAAAAAT ATGATGATGT TTTATTTGCA 4680  
 10 AACTGGAAGG CACGATATAC AATAAAGAAC TCTAAAGTAA TAACTAGCAA TCCTCCGATT 4740  
 AAACCTAATT CTTCGCAAAT AATTGCAAAA ATAAAATCTG TATGTGGTTC TGGTAAATAG 4800  
 CCCAATTTCA TTGCACTATT TCCTAATCCT TTTCCAAATA CGCCACCGTT ACCTATCGCA 4860  
 15 AGCAATGAAT TGGAAATATG GTATCCAGTT CCTGATTCGA ATTGGAATGG ATCTGTTAGC 4920  
 GTACTAAATC TGGCAGTTAA ATAACCTGGT AACCAACCAG CCATTAATGC AATGACAAAT 4980  
 20 ACTACTAAGA ATCCTAGCAC TGCTGGTATA CCAATCTTA GGACTTTGTT 5030

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 325:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1389 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 325:

CTTGTTAATC CGAAAATTAT TAGTCAATCA AATGAAACAA TAACAGACTT nGAAGGTTCA 60  
 35 ATTACATTGC CAGATGTTTA CGGCGAAGTG ACAAGAAGTA AAATGATAGT TGTGAAAGT 120  
 TATGACGTCA ATGGGAACAA AGTTGaaCTA ACTGCACATG aAGATGTAGC AAGAATGATT 180  
 TTGCATATTA TAGATCAAAT GAACGGTaTC CCTTTTACAG AACGTGCGGA CCGTATTTTA 240  
 40 ACAGATAAAG AAGTGGAGGC ATATTTTATA AATGACTAAA ATAATATTTA TGGGTACACC 300  
 AGACTTTTCA ACAACTGTTT TAGAAATGCT TATTGCAGAA CATGATGTCA TTGCAGTCGT 360  
 AACGCAACCA GATCGACCTG TTGGACGTAA ACGTGTTATG ACACCACCAC CAGTTAAAAA 420  
 45 AGTTGCAATG AAATATGATT TACCTGTATA TCAACCTGAA AAATTAAGTG GATCAGAAGA 480  
 ATTAGAACAA TTGCTTCAAT TAGATGTAGA TTTAATTGTA ACTGCTGCTT TTGGACAATT 540  
 50 ATTACCTGAA TCATTGTTGG CATTACCAA TCTTGGGGCA ATTAATGTAC ATGCATCATT 600  
 GTTACCGAAG TATAGAGGTG GTGCACCAAT TCATCAGGCA ATTATCGATG GTGAACAAGA 660  
 AACCGGCATA ACAATTATGT ATATGGTTAA AAAATTAGAT GCGGGTAATA TTATTTGCGA 720

	TTAACACCAC GAATACGCAT TTCTCGTAAT GAGCGTACCA TTTTTTCTTC TGCTTGTTTA	2640
	AATGATATCG CGTGTGTAGA TAATTTTACG AGTAATGAAT CATAATAAGG TGATATCTCA	2700
5	GCACCTTGGA AACCATCTCC AGCATCAAGA CGTACACCAA AGCCCCCGCT TGAACGATAA	2760
	GCAATGATTG TTCCAGTATC CGGCATGAAA TCATTTAACG GATCTTCTGT TGTAATACGA	2820
10	CATTGGATGG CATAGCCTAA TGTTGTAATA TCTTTTTGTT GCGGCATATT AATCTCTTCA	2880
	CCAAATAAAT CGGCACCTGC TGCAACTAAA ATTTGTGTCT TAACAATATC AATTCCTGTT	2940
	ACCATCTCTG TAATTGTATG CTCTACTTGT ACACGAGGGT TAACTTCTAT AAAGAAGAAT	3000
15	TCGTCACCAG ATACTAGAAA TTCAACAGTA CCTGCATTGA CATATTTAAT ATTTTCCATC	3060
	AATTGAATTG CAGCATCACA AATACGTTGA CGTAATGTTG ATGATAATCC AACTGATGGT	3120
	GCAACTTCTA CAACTTTTTG ATGACGACGT TGTACTGAAC AATCACGTTT AAATAAGTGT	3180
20	ACGATATTTT CATGTTTCGTC ACCTATGACT TGTACTTCAA TATGCTTTGG ATTATCAATG	3240
	TATCTTTCTA TGTAAACTTC ACTATTACCA AATGATTTTT CAGCTTCTGA TTTTGCTCTA	3300
	TGGAAAGCAT CTTCTAATTC ACTTTCTTCA CGAACGATTC TCATACCTTT ACCGCCGCCA	3360
25	CCACTTGTGG CTTTAATCAT TAGCGGGAAA CCAGCTTCTT CTGCAAATTC TTTTGCTAAT	3420
	TCATATGATT TAATTGGACC GTCTGTACCA GGAATAACTG GTAAATCTGC CTTGATAGCC	3480
30	GTTGTACGAG CTTTAACTTT ATCTCCAAAC ATATCTAAAT GTTCTAAATG AGGACCAATA	3540
	AATTTAATTC CTTCTTCTGC ACAACGACGC GCAAATTGTT CATTTTCACT TAAAAATCCA	3600
	TAGCCAGGAT GAATCGCATC CACATTCTGT TGTTTTGCTA CATCAATGAT ACGCTCAATA	3660
35	TTTAAATAAC TTTCAGCAGG ACCTAAATCA CTTCCTAACT AATAGGATTC ATCTGCTTTA	3720
	TATCTATGTA ATGAACTTTT GTCTTCATTC GAATAAATTG CAACTGTGCT GATGTCTAAT	3780
	TCTGCCGCCG CTCTGAATAT ACGAATTGCA ATTTCTCCAC GGTTAGCAAC AAGTAACTTT	3840
40	TTTATTIGTT TCAATAGCGA TACTCTCTC AACTATTAG AATTTTCTAA CTAATTAGAT	3900
	AATAAAATTT TATCTTAAAG CGCTCTGTTT TGCTATAGTt mTGTTTCmAA TTTTCAAAaT	3960
45	TTaACATyCT tGAGACAATT AAAaCCyCCG CTTcmGaAAT AATAATTTCA AAAATGACTA	4020
	TGCAACAACA GGTAGTTCCA CGTTTTTGTT GTGAAACATT TTCGATTTCT ACAACTCTAA	4080
	AAAATTAAAA ATAAAATTGC AAAACATCAA CATTATTAT CAATAGCGAT AACTTTATCT	4140
50	TATCATCATG ATTCTAATTT CGCCACCACA TTTAGTAATT TTTAGTCATA AAATTTAGTT	4200
	ATAATTATAC GTTGTTTTGT TTATAAAATT TGATAATCak GAGTAATCtC GTAATATCAA	4260
55	AACaAAAAGG AAGTTAAGCG TTGTTTGTTT GcCTAACTTC CGTTATTGAA CTCATCcAGT	4320

	CGTTTACCTT TATCGATTTC GATTTCTACT GTTTCACCAT TACGCATTCC AAAGAAGAAT	840
	GTAGGCGTAT CAAGTAACGA TAAGTTTCCG TATTGATTTC TAGTTTGAAT ATATTGTTCA	900
5	TATACTTTTG GATATAGTAC ATAAC TAATA ATATCTTGCT CCGTAACAGG ACCTTGTTGC	960
	TCTTCTTCAA GCAACTCACG GACTTTTTTCA AAATCAACTG GCTCTAGATA TTCACCTGGA	1020
	CGAGCTGTTA GTGCTTCTTG GCCTTTTAAA ATAACCGCTT GTAAATCTTT ATTA AAAACCA	1080
10	TTTACAGGTT GTCCTATTTT ACCTTTGAAG AACGACACTA CTGATTCTGG GAAATCTAAT	1140
	TTATAGCCAT CTGTAATCAC GGATTGTTCA TCAAGATCAT TTTGTACCAT ATAAAGTGCC	1200
15	ATATCACCAA CTACTTTAGA CGATGGTGTT ACTTTTACGA TATCACCAA TAAGAAATTC	1260
	ACTCTGCGAT ACATATCTTT GACTTCATCA AATCTTTGCG CTAAACCTAA ACTTTTAGCT	1320
	TGTTGACTTA AATTCGAATA CTGTCCACCA GGCATTTTCA GTTGATAAAT TTCAGTATTC	1380
20	GGTGATTTGA TATCACTTTT AAAGTCTGAA TAATAAGTAC GTACAGTTGA CCAATAATGA	1440
	CTAAGTGA CTACACTTTC AATATCAGTT CTAAGGTGGC GTGGGAAGCC ATTTAATGCA	1500
	TAATATAACG AATTGGCGCT TGGCTGACTT GTTAAACCAC TCATTGAAGC AACAGCAGTA	1560
25	TCAATGATAT CGACACCAGC ATCTATTGCT TGTTTGATG TTAATAAACC ATTACCACTT	1620
	GTATCATGAG TGTGAAGATG AATTGGTAAA TCTACAGCTG ATTTTAACTC ACCAATCAAT	1680
30	TCGTAAGCGG CTTTAGGTTT TAATAAGCCT GCCATATCTT TAATCGCTAA AATATGGAAA	1740
	CCTTCACGTT CTAACCTCTT AGCTAGTTTG ACATAATACT CTAAAGTATA AATGTTTGAT	1800
	CGCTCAGGAT TTAAATGTC ACCTGTATAA CAAATAGTAC CTTCTGAGAT TTTGCCCCGT	1860
35	TCTTGACTG CTTTATTGGC AACTTTTATT TGATCTACCC AGTTTAATGA ATCGAAAATT	1920
	CTAAAGACAT CTATGCCTGC TTTAGCACTT TCTTGACGA ATTTATGAAT AACATTATCA	1980
	GGATAGTTTT TATAACCAAC TGCCTTTGAA GCACGTAACA ACATTTGGAA TAATACATTT	2040
40	GGAATAGCTT TACGTAGACG TTCAAGTCGT TCCCATGGGT TTTCTTCAA GAAATTATAT	2100
	GCCACATCAA ATGTAGCACC GCCCCACATT TCTAGTGAGA AACCATCTTT AAATACGTCC	2160
45	GCTGTTTTGG ATGCGATATT AATCATATCC TTAGTTCTAA CTCGTGTAGC TAATAATGAT	2220
	TGGTGTGCAT CTCTAAAGGT TGTATCTGTT AGTAAGACAT CATCCTGCTT TTTAACCCAT	2280
	TCAGCTACAC CTTTTGGACC TACTTCATCA AGCAATTGTT TCGTACCACT AAATGAAGCG	2340
50	ATTTTACTTG AAGATACAGT TGAATTGAT GCTAATTCAT AGTCTGGTTT CGGACGTTTC	2400
	TCAACATTTG GGAAACCATT AATTGTTACA TTACCTATAT ATTCTAATGT TTTAGTACCT	2460
55	CTATCTAGAG ACGGCTGAAT GTCGAAAAGT TCTGGTGTTT CTTCAATAAA TTTAGTTGTG	2520

	GATAGCTTTC TTTGTTGCT GGAACATGTA AAGAAATAAT ATCGGCATCT TTAATAGCTT	420
	CTTTAACT ATCTTTATAA GTTAAAAAGT CTAAATCTTT ATTAGGATAG GCGTCATAAG	480
5	CTGTAATTGT AGCACCAAAT CCTGCATATA TTTAGCTGT AGCAGCACCG ATACGACCCG	540
	TACCAATAAT TGCAACAGTC ATATTTTTAA CTGGTTTAGA CATGATTCT GCTTGCCAAG	600
10	TAAAATCATG TGCTTGTAAC CGGCGTTCAA TATCTGGGAA GCGACGCACT AATTGTAGGG	660
	CGATAGAC AGAATACTCT GCAATGTTT CAGGTGAATA ACTAGGAACG TTAGATATCA	720
	CAATATTGTG TTTTGTAGCT AAATCTAAAT CATAATATC AAATCCAGCA GTACGTTGTG	780
15	CAATTGTTT AATACCGTAA GATTCTAATT TAGGATAAAC GTCATTTCT AACTTACCAA	840
	ATTGCATTGT AGTTACGCCA TCGTAATCTT TTAATTGATC GACTGTAGCA CTTGATAATA	900
	GCTCTTTAGA AGTAGTTACT TCGACATTAT TCTTCTCCC CCAATTTAAT GCCATCTCTT	960
20	TCTCATAATC ACGCGTACCA AAGAACATAA TTCTCGTCAT TAT	1003

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 324:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5030 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 324:

	GGCTTTTATA GTGTTTACGA TTATTATGAT TACTTATATT CACGCTGTGA AAAATTATCC	60
35	AAATAACCGT ACTGTTTATT ATGGTTATAC AGCTGCATTT ATAATTGTGA TATTACAAGT	120
	TATCACAGGT GCATTATCTA TTATGACAAA TGTTAACCTG ATAATCGCAC TTTTCCATGC	180
40	ATTATTTATC ACTTATTTAT TTGGTATGAC AACATACTTT ATCATGCTAA TGTTACGATC	240
	AGTAAGAAGT GACAAGCAAT AACAAAAAG cmaAACCGTAA TTTTAATGGC ACGCCCATTA	300
	AAATTACGGT nTTTATATC AATATTTAAA AtTAAACCTA AGCCATGTAA AAACGAGATT	360
45	ACACGTCAAT TGTTGTGTAA TCTCGTTTTA TnTTAATCAT TTTAGTCAGT TGCTTTTTCA	420
	ATTTGATTA ATAAATCGCC TGTCGCTATT GTGTCACCAT TATTTACAGT TACTTGTTTA	480
	ATCACACCGT CAAATGGTGC TTGAATTGTT GTTTCCATTT TCATAGCTTC AGTAATTAGC	540
50	AACGGCTGAT TAGCTTTTAC AGTTTCACCT AACTAACCT TGACTTCAGT TACTGAACCT	600
	GGCATTGAG CACCGATATG ACTTGATTA CTCTTATCTG CTTTGGCTT AACGTTTCGA	660
55	TTTGATGCA CATTTTCATC TTTAATGTAA ATACGTCTCG CTTGACCATT CATCGCATAG	720

TGTAGTTGTT GAAAATATTT ATCGACGCTT AACAGATTCA GAAGAACAAC TAAAAGGTGA 300  
 AAATTTAATT ATCAGTGCGA CAACTGAAGT ATTTAAACCA ATAATGTCAT CGACACTAGT 360  
 5 TACTATTATC GTCTTCTTAC CACTTGTGTT TGTATCAGGT TCAGTAGGCG AAATGTTTAG 420  
 ACCTTTTGCA TTGGCTATTG CATTTAGTTT ATTAGCATCG TTATTAGTGT CAATTACACT 480  
 CGTTCCAGCG TTGGCAGCTA CACTATTTAA AAAAGGCGTT AAACGTCGTA ATAAACAACA 540  
 10 TCAAGAAGGA TTAGGTGTTG TTAGTACAAC TTATAAAAAA GTATTACATT GGTCATTAAA 600  
 TCATAAGTGG ATTGTAATTA TATTAAGTAC ATTAATTTTG GTTGCAACTA TTGTATTTGG 660  
 AGGACCGAGA CTAGGCACTA GCTTTATTTT AGCAGGTGAC GATAAATTTT TAGCTATTAC 720  
 15 TTATACACCG AAGCCTGGTG AACGGAGCA AGCAGTGTG AATCATGCGA AAGATGTTGA 780  
 AAAATATTTA AAACAGAAAA AGCATGTAAA AACAATTCAA TACTCAGTTG GCGGTAGTAG 840  
 TCCAGTAGAT CCAACGGGTA GTACAAATAG TATGGCAATC ATGGTTGAAT ATGATAATGA 900  
 20 CACGCCTAAT TTTGATGTAG AAGCGGATAA GGTTATTAAA CATGCAGATG GCTTTAAACA 960  
 TCCTGGAGAG TGGAAAAATC AAGATTTAGG AACAGGTGCA GGTAATAAAT CTGTAGAGGT 1020  
 TACTGTAAAA GGTCCATCAA TGGATGCCAT AAAATCAACT GTAAAAGATA TTGAACAGAA 1080  
 25 AATGAAACAG GTTAAAGGAC TAGCCAATGT CAAATCTGAT TTATCGCAA CATATGATCA 1140  
 GTATGAAATT AAAGTCGATC AAAATAAAGC GGCAGAAAAT GGTATTTCTG CAAGTCAACT 1200  
 30 TGCAATGCAC TTGAATGAAA ACTTACCAGA AAAACAGTT ACGACTGTTA AAGAAAATGG 1260  
 TAAAAGTGT GATGTTAAAG TCAAACAAAA TAAGCAAACA GC 1302

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 323:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1003 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 323:

45 ATATATATTA ATTTAAACGT GTTTCACATG TACCAGTGTT AATGACAGAT AATGCTGCGT 60  
 TTAAACCACC TTCAACAAGG TTTTGTACTG CTTCATCAGA GAAGAAAGCA ATATGTGGTG 120  
 TTACTAAAAT TCTTTCATGT TCGATTAAT CTAATAATGT TTTATCGTCA ATGTCTTTAT 180  
 TAGTCCAGTC ATTTGTGAAG TATGCTGCTT CATTTTCATA AGTATCAATC GCAGCACCTA 240  
 50 ACAAAGTACC ATCGTTCCTT GCAGCGATTA AATCAGGTGT ATTGATGACT GCACCACGTG 300



	GATATTAATA ATTATTATAC CCTAACTTTC AATATATCAA ACCATTTAAC TTAAACATGC	6840
	TTATACTCTA AATATAGCAC TTAAGCATCA TTTTATAAT GAAAATGAGT AAATTTTAAT	6900
5	TCAATCCCGG TAAATCTTGT TGACGTAACG CTTCATAAAT TAACAACGCA GCAGTATTTG	6960
	ATAAATTTAA TGAACGAATA TGTTCACTCA TAGGAATTCT TAACGCTGTG TCTTGATATT	7020
10	TCTCTTTCAC CCAGTCTGGT AATCCTGTCG TTTCTTTTCC AAAAATGAAG TAAAAATCTT	7080
	TGTCATGATT TGAAAAATCA AAATCACTAT AAGTCTTTTT ACCAAATTTT GTTAATAAGT	7140
	AATACTCGCC ATTTGTGACT TCAAAAAATG CTTCAATACT ATCATGATAC GTAATATTCA	7200
15	CAAATTCCTA ATAATCTAAA CCGGCTCTTT TTAACATTTT ATCATCAGTT CTAAATCCAA	7260
	GAGGTTTAAT TAAATGTAAA TGTGTGTTTG TACCTGCACA CGTACGGCAA TGTTACCAGT	7320
	ATTAGCTGGG ATTTCTGGTT GATATAAAAC GATATGATTT GTCATATTAC TATTCTCTCC	7380
20	TTGTGTCTAA TCCTTTTATC ATTTCACTCT GAACTTCTGC ATCCTCTTGA TCATAATTAG	7440
	CATTGATAAA ATCTCTTGCT TCTTCCCCAA GAATTTGACC AATGGCCCAA TAAGCAGTTG	7500
	CTCGAATCAA CGGTCTTTCA TCTGTTGTTG CAACTTTTTT CAATTCTGGA ATTGCATCCA	7560
25	CTTCATTAAA ATGCGCCAAT GCTAAAATAG CATTTCGTTG TATCGGCTTT TTACCACGCC	7620
	AAGCACCTGC AAGGTGACCA TATGTTTGTT TGAATTCTTT ATTAGACATA CGTAGLAAAG	7680
	GTAATAATCT TGGCTTTAAA ATTTCTGGTT CAAAATGAT GTCATCTTGT TCGGTATTAA	7740
30	TACCTCTATT TTTCGGACAA ACTTGTTGAC ACGTATCGCA ACCATATAAT CTATTCCTAA	7800
	TTTTATAACG ATATTGGTCA GGCATATAGC CTTTGTGTTG CGTTAAAAAA CTAATGCATT	7860
35	TCTGACTATT TAATTGGCCA TTTCCAATA ATGCACTTGT TGGACAACGA TCAACACAAA	7920
	TTGTACAATG CACCACAGCT ATCTAATAAT GGATCATCAG GTTCC	7965

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 322:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1302 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 322:

	GCCCTGTTGG AGAAATCACC TTTATACGAT GGTGAAAAA GCATCATTAG GTACAATCGT	60
50	GGCAATTATA GTTATTTTGC TGTTTTAAAG AAACATTTCG ACGACGGCAA TTTCTATTAT	120
	ATCGATTCCG TTATCACTTC TTATGGCGCT TATTGCTCTG AAATTGAGTG ATGTTTCATT	180

TACAATACCT GATTGATTAC TTTTAATGAA TGTTTGCGCA TTAACATCAT CAATTAATCC 5040  
 TTTTGATAAA TTGAGTTGTA ATTTTATTAC TTTGAAAATA ACAGGTAAAT ATAATGCCCC 5100  
 5 AATTGCCAAT GGAAAAGCTT TAATTGATAT TAAACTTATA ATAAGTGTG CTATCAATAA 5160  
 TTGAATCCAG TATTTTCCTA ACATAAATAT ATAAATCTCC TCTAATTCA TTCTCAATA 5220  
 GCATATCATA ATCTTGCCAT ATTAAGAAAC GCGGTTTAAT GATTTTCATTA AAAATATTAC 5280  
 10 TGATAGATGA CTTCTTTCAA TTATGCTCTGG AGTAATTAAT TATCAATTCC GTTTAAATGG 5340  
 TGTTTTAATA TTTAAATTG AACTTTTGAT ATATTACTAT GTCTGGTACA CAAATCAATG 5400  
 TTTTATGCTT TACAAAGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGC AGTCCACAAC ATAGAGGCTT 5460  
 15 CGGAATGTCA GCTTCTATTT CATGCAAGTT GGTGGAGCTC CAACATAGTG GAATTGGATT 5520  
 CCCAATTTCT ACAGACATTG CAAATTGGGG AAACGGGCCA CAACTCAGA AACTGGTGGA 5580  
 AAGTCAGCTT AAAATAACAT GCAAGTTGGC GAGGCCCCAA AATAGTGAGA TCGGATTTCT 5640  
 20 AATTTCTACA GACATTGCAA ATTAGGGAAA CGGGCCACAA ACTCAGAAGT TGGTGGAAG 5700  
 TCAGCTTAAA ATAACATGCA AGTTGGCGGG GCCACAACAT AGAAAAATTG GATCCTCAAT 5760  
 25 TTCTACAAAC AATGTAAGTT GGGGAAACAG CCCCAACACT GAAACTAGCA GAAAGTCAGC 5820  
 TTCTATGAAT ATAATAAAAA AGCTAGGTAA CAAAATGCTA CCTAACTTCA TATTCAAGAT 5880  
 AATCAATCCT ATTTGATATA TGTTCTATAC TATACATTAT TTACATGATA AATAACTGAA 5940  
 30 TATTACACAA TTATAATACT TTACTGACTG TCTTCTTCAG AATTCTTTTC TTGATCATTT 6000  
 TGATCAGAGA TTTGTTCCaT TTCTTTACCT AATTCTTTTA AATCTTCAAA ATCCGTTACC 6060  
 ATACTGTTTT CTTCTTCATG ATAATTTAAT TTTGGATCTT TGTCTTTAGA CATAATCAAT 6120  
 35 ACCTCACAGA TTTTAAATTA AGCAAAGCGT GACGTAAAGT AAGCTTTAAC ATCTTCAGGT 6180  
 AAACCTGCAG CCGCTTCTTT ATCAAGAATA ACATTTACCA TTCTATGTGC TTTTAAATCG 6240  
 GCTGGTTCGA AGCTTGTTTT ACCATTTTCT TGATATAATT TTTCAACTAC ATCTCGTTTA 6300  
 40 TTAGCACCTG TCACTACTAA GAAAATTTCT CTGCTTCCA TTAGTCCTTG ACGAATACTA 6360  
 ACATTTAACT TACCTTGCTC ATCGATAGAA ACAACTTGTA ATGTTAATTT CCCTTTATTT 6420  
 TCTTTAGTTT TAATCTTATC AGCGATTAAT TCGATTGCAT CTTTTTCATA AGCAATTGGA 6480  
 45 TAAACTTGAC CTGCTGGTAC ACCTAACGCT TCGAAATATG ATTTTTTATC GTCATAATCT 6540  
 AAAATATTTA TTTGGCTAAA ATCAACAGCA TGTTTTTCAA CATTTTTCTT TAATTCATCT 6600  
 50 AGAACTGGCG CTTGATCTGT ATCTAAATGA AAACCTGCAA TTGTAGTAGG ATTATTGTTA 6660  
 AATTGCTTTC TAATAATATC AGCAGCATAT TCTGCTACAA GTTGACTATT GTCAAAGACT 6720

55

	CCAAACTTTA TTTTATATTA ATATTTAATT AATGAGGATC TACCATATCT TCTGGTTTAA	3240
5	TCCATGCTTC AAATTGTTCT TCTGTAACAT ATCCAGTTTG AATTGCAGAT TCTTTTAAAG	3300
	TTAAACCTTC TTTATGGGCT TTCTTAGCAA TTTGAGCTGC TTTTTCATAA CCAATATGTG	3360
	GATTTAATGC AGTAACTAAC ATTAATGATT GATTTAAATA ATTATCAATA TTCTCTTCGA	3420
10	TTGGTTCAAT GCCCACTGCA CAATTGTTAT TAAATGTTTC CATACCATCA GCTAAAAGAT	3480
	AAATTGATTG TAGTGTATTA TGCATAATAA CTGGTTTATA AACATTCAAT TCAAAGTTAC	3540
	CTTGTGAAC TGCGAACCAA CAACTGTATC ATTACCCATT ACTTGGAAGT CnACCATTGT	3600
15	TAACATTTCA CATTGTGTAG GATTAACTTT ACCAGGCATA ATTGATGAAC CTGGTTCATT	3660
	TTCAAGGATA GAAATTTCTG CCAAACCAGC TCGTGGCCCT GAAGCCAACC ATCTCACATC	3720
	ATTAGCAATT TTCATTAAGT CTCCTGCTAA TGCCTTCAAT GTTCCATGCA ATTGAACAAC	3780
20	TTCATCATGC GCTGTAAGTG CGTGGAAATTT ATTTTCAGAA GATACAAATG GATAACCCGT	3840
	ATTTTCTGAA ATATAATGTG CCACTTTATC ACCAAATTCA GGATGCGCAT TAATACCAGT	3900
	ACCAACAGCC GTACCACCGA TGGCAAGATT TAAAATGTGC TTCTTAGATT CAGATAACAT	3960
25	TGTTTCACAA CGGTCAAGCA TATAACGCCA GCCACTAATC TCTGTCTTA GTTTGATCGG	4020
	CGTTGCATCT TGTAATGTG TACGACCAAT TTTAATAATT GAATCAAATT TATCTTCTkT	4080
	TTCTTTCAAA GTATTTCTTA AAAGTTTAA TGCAGGTTCT AATTTTGTTT CAACCTCTTG	4140
30	ATATAATGCA ACGTGCATAG CAGTTGGGaA TGTATCaTTC GaACTTTGAG ATTyATTAC	4200
	ATCATCATTk GGGTGGATAC TTTCACTACT TTGATGATCT TTTAAATACA TATTAGCAAC	4260
	ATAACTTACT ACTTCGTTCA CATTCAATTT ACTTTGTGTA CCGCTTCCTG TTTGCCATAC	4320
35	AACTAGTGGG AAGTGTTTCA CTAATTCACC TGATAAAATT TGATCACATG CGTATACAAT	4380
	GGCATCTTTC TTTGCCTCGC TTAATTTTCC TAAATCAAAA TTAGCTATTG CTGCTGCACG	4440
40	CTTTAGTTGT GCAAAACCAT AAACACTTTC GATTGGCATA CGCTCTTTAC CAACTGGGAA	4500
	ATTACGTTTA CTTCTTTCTG TTTGAGCACC CCAATATTTA TCTGCAGGTA CTTCTATTTT	4560
	TCCAAAAGTA TCATGTTCAA TTCTTACTGA CATTCAATTT CTCCCCTTAT CACTGTTTAT	4620
45	TTAACTGTAG TATATCATTA AATAATTTAA TTGAGCAATT TATGATTAAA ACGTTTTCAT	4680
	AATTTGAAAT AAAAATACAC TAATCGCACG TGTTCAACCCT TTATTACAGT GATACGGTCA	4740
	TACGATTAGT GTGTTATCTA TCATTATTTA GTTATTATTG AACTAAGTTT AATTACGATA	4800
50	CTTTGTTTTA GTAGCTTCAA CCGTAGCAAT AGCTGTAAGT ATATATAATA CAGCACTAAC	4860
	AATTGTGTA TATGGATTTA GAGCAACAAG CGTaCCTAAA ACTCCTGTTA AACTCGCATA	4920

55

	TGACCCGATT TAAGTGGTAC CGTTGCATGA TGTGTAATAT TGTCATTTTG GCTAGGAAAT	1440
	GCTTTAGAGG CTAAGTTAAT ACGAGAACAA TTGACGATAT TCGACGCTTT CATTAGCCTA	1500
5	CGTTGATTAA ATGCTTTCAC ACACCAACAA GACCCATCTT TAATATAGTG ACAGTGGTCT	1560
	GCTGTCAAAG ATTGTGGTAG AGCCACATGT GATACAAAGT CATGTTTACC TACGCTATTG	1620
	ATGAAAAATA TCCAGCCTGT CGTGAAATTA CTGCCCTCAA TTAAATATTT TAACGCACCT	1680
10	TGGGTCATGC TATACATTTT TGTTCCTTCG TTTAAAAATT CGGCAATCTC TTTTAATAAA	1740
	GCTAGTCGCG TCCTTTGTTC CATCAAATCG CTCCAATTCA TTTTACGTG TATTAACTAT	1800
	TATACATTGA GTTATTATAT TTTTAAATCT TAGACGTAAA CATGATAAAA TGGCCTTGAT	1860
15	TACTCAATAG TTATATTTTC GAGAACTGAT TTGTGATATG ATATTAAAGA CTATAGGAGG	1920
	ATTTTATGAA ATTTAAAAATA CCAGAAAAC TTAATGACTT AAGTTTACGA GATATTTTCC	1980
20	AACAACCTAA GGTACCTAAA AAAGATTTAC ATCATTTAAA TATGTCTAAA GATATTACTA	2040
	TTAATGATAA ACCTGCGCGA TTAATGGATA AAGTGCATAC TGGCGACGAT GTATTTGTTC	2100
	CAACCATCGA TGAAAAAAGT AATTATGTTC CAAGTTATCG TTATGCACAA ATTAAATACG	2160
25	AAGACGATGA TATGGCAATC GTAATGAAAC CTAAAGGTGT TAAGACTCAC CCTAATGATT	2220
	TAAAAGAAAAG CAATACTTTA ATGAATCATG TGATTTACAC TATTGATAGT GACTATGTCC	2280
	AACCAATTCA TCGACTGGAC CAGGAAACAG TAGGATTATT AATTGTTGCT AAAAATCCTT	2340
30	TAATGAAAAA AATTCTTGAT CGCATGTTAG AAGACAATGA TATTACGCGG ATATACAAAG	2400
	CAAATGTTAA GGCACTTTTA CCTTTAAAC CACAAACGAT TGATATGCCA ATTGGTAAAG	2460
	ATAAATTCCA TTCGAATAAA CGACGTGTGT CTCCTACTGG ACAGCGTGCA ATTACACACA	2520
35	TTTTAACTTC AAAAATGATA AAAGAAGCTG TGTGCCMACT TGAAATCAAG TTGGATACTG	2580
	GACGTACTION TCAAATWCGT GTGCATTTAG CTGAAATTGG TCACCCTGTT ATTGGTGATC	2640
40	CTTTATATGG TGATTCAACG TTAAGACAAT TAGAACTTGA AAGTTACAAA ATAGAGTTTG	2700
	TGCATCCCTT GACTAAGGAA GTCATTTCCG TTTCTTTGGA TGACTIONTT GATTAGTTTT	2760
	GCATGATATT TAAACATGCA ATACCGCATT GTAACATAAT CAAGTATCAA CTAAACGGA	2820
45	TAGATGGAAA ATTATTAATT TTTTCAGATG TTCGGTTTTT TTGTTTTTTA CGATGCTTAG	2880
	GATTTTATAT TTTGATATTT TAGTAATTAT TCATTTTATA ACATCCTTGG ATAATGACTT	2940
	GTAGTCTTTT TCAACTGCGT TACGTGTATC TATGGACAAT ACATGACATC ATAAGATTTT	3000
50	TATCACAGGT TGTTTGCCA ATACATGTAC AACAATTCAT CATATAAAAA ATAGTTCTA	3060
	TAATAAACG GACTCCATGA AAAGTTTTTC CTTTTCATGG CTCTATATCA AATCAGACTT	3120

55

TTAAAAACAA AAAAGCT

5897

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 321:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 7965 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 321:

15	TCATTCTAAA TCAACTTATT TTCCATTGCA TAAATTGCTG CTTGTGTACG ATCGCTAACT	60
	TGTAATTTAC TAAATATATG ACTGACATGT GTTTTAATTG TTTTTCAGA TACAAATAAA	120
	GTTTCTGCAA TCTCTTTATT TGTTTTACCT TTAACCATT CACGTAACAC TTCAATTTCT	180
20	CTCTTTGACA ACTTATTCGT GTAGTGTGGT TTTGGCTAA CTGTTTCGAA TACATCTTGT	240
	GCCTTAGGAT GTATCATTTT TTCACCGTTC ATAACGTC TAATAGTTTC AATTAATTGC	300
	TGAGGCTCAA CGTCTTTCAT TTCATAACCA TCAGCACCTT TATTGATTGC TGAAATTACA	360
25	TGTTTCATCAT CAACATAACT TGTTAATACC AAAACTTTAA TATCCGGATA ATGTGCCTTA	420
	ATATATTCGG TAATTTCAAT ACCATTCATG CCAGGCATCA CTAAATCTAA TAGCACAATA	480
	TCAGGGTGCT CATGCTCTTT TAAATATTCT AAAAATGTTT CTCCATCTGC AAAGTCTTGT	540
30	AAAACTTCTA TGTTTTCAaT CGTGGaTAAT AAAAATCGCA ATCCTTGtCG CACAATATAA	600
	kGGwCATCTA CTAATATnAC TTTGTTTCATG GGTATCTCC TTAAAtCAAG CTATTTTATA	660
	GGAATTGTGA ATTGTATTTG TGTACCCTTT GTTGGCTGAG AATGAAAGGT CACTTTACCT	720
35	CTTAATAATT TAACTCTTTG TTTTATGTTA TTAATACCGT GTGATGAAGC TATCTGAACA	780
	TTATCGATCT CAAATCCTTG ACCATAATCA ATCAGTCAA TATATAGTAT ATCGTTCATT	840
40	TGTTTTAATG TAAGATCCAT TTTATTCGTA TCAGCATGTT TCTTAACATT ATTAATACAC	900
	TCTTGTAATG CTCTGTATAT GTTTTCTTCG ATTTTCATTAG ATAAATCGAT TAAACCTTCT	960
	ACATTTACAT TTAATTGTAT ATGCATTAAT TTAATATATG CTGTCAAAGC ATGAATTAAA	1020
45	CCTTGCTCAA GTCCAACCTGG CTTAAGTnGC CAAATCAATG CACGCATTTT ATTAACGGCA	1080
	TTTTGACTCG TTtCCTCAAT CGTCTTGAAT GCTTGTTTAG CGATGGATTG GTTTGACATG	1140
	CCATACGCAG CATGtGctGT TAGTTTTACA GAAAATAACA TTTGATTTAC TGAATCATGT	1200
50	AAATCTCTAG CTAAACGATT ACGTTCATTA ATTTTTGCCG CTTCTTTTTT ACGGTCTGTT	1260
	AAATAAATAC GTTTGATGGC TGACCCTAAT TGAAATGCGA CAGACTCTAG CAACTCTAAA	1320

TGAATAAAGG TAAAGAAGTA GAAAGGGATG GCTTCCAAAT TAGACGTACT ACAGTTGAAA 4140  
 ATGGTATTCC ATGTTTGACA TCTTTAGATA CAGCTAATGC CTTAACGAAT GTAATTGAAA 4200  
 5 GTATGACATT TACAATGCGT CAAATGTAAA TCAATCAAAC TGTATCGGTG GGGCTGTAAT 4260  
 TAACCATTTA CTTAAAGAAG TTTATATTAC AGCCTCATT TTTAATGAA TTTCTTAATA 4320  
 TAAAGGGAGA CaTATATGAT GAAAGATTTA CCAATTATTG CATTAGATTT TGAATCAAAA 4380  
 10 GAAAAAGTAA ATCAATTTTT AGATTTATTT GATGAATCAT TATTCGTAAA AGTAGGTATG 4440  
 GAACTTTTTT ATCAAGAAGG TCCTCAATTA ATTAATGAGA TAAAAGAAAG AGGCCATGAT 4500  
 GTATTTTTAG ATTTAAACT GCATGATATT CCTAATACAG TTGGTAAGGC GATGGAAGGA 4560  
 15 CTAGCTAAAT TGAATGTTGA TCTGGTAAAT GTTCATGCTG CTGGTGGCGT AAAAATGATG 4620  
 TCTGAGGCCA TTAAAGGATT AAGAAAACAT AATCAAGATA CAAAATTAT TGCAGTAACA 4680  
 CAGCTTACGT CAACAACAGA AGACATGTTA CGACACGAAC AAAATATACA AACATCGATT 4740  
 20 GAAGAGGCCG TTTTAAATTA TGCCAAGTTA GCAAATGCAG CTGGTTTAGA TGGCGTTGTT 4800  
 TGTTCACCTC TTGAAAGTCG TATGTTGACT GAAAAGTTAG GTACATCATT TTTAAAAGTA 4860  
 25 ACACCAGGTA TTAGACCTAA AGGTGCATCT CAAAATGACC AACACCGTAT TACGACACCG 4920  
 GAAGAAGCAA GACAGCTTGG TTCGACGCAT ATTGTAGTCG GTAGACCGAT TACACAAAGT 4980  
 GACAATCCAG TCGAAAGTTA TCATAAAATT AAAGAAAGTT GGTAGTATA ATGGCTAAAG 5040  
 30 AAATTGCAAA ATCATTATTA GATATTGAAG CTGTAACATT ATCACCAAAT GATTTATATA 5100  
 CATGGAGTTC AGGTATTAAA TCACCGATTT ACTGTGATAA CCGTGTACG TTAGGTTATC 5160  
 CTTTAGTTTC AGGCGCAATC CGCGATGGTT TAATTAACCT AATTAAAGAA CACTTTCCTG 5220  
 35 AAGTAGAAGT TATTTCTGGT ACTGCAACAG CTGnTATTCC ACATGCAGCT TTTATTGCTG 5280  
 AAAAAATAAA ATTACCAATG AATTATGTTT GTTCATCAA TAAGAGTCAT GGTAAGCAAA 5340  
 ATCAAATCGA AGGTGCTAAA AGTGAAGGTA AAAAAGTAGT TGTGATAGAA GATTTAATTT 5400  
 40 CGACAGGGGG ATCTTCAGTC ACAGCAGTTG AAGCCTTAAA ACTAGCAGGT GCAGAAGTAT 5460  
 TAGGTGTTGT AGCTATCTTT ACTTACGGTT TGAAAAAGC AGATGATACA TTTAGCAATA 5520  
 45 TTCAACTACC TTTTACACT TTAAGTGATT ACAATGAATT AATTGAAGTA GCTGAmAmTG 5580  
 AAGGTAAAAT TTCTAGTGAA GATATCCAAA CATTAGTTGA ATGGAGAGAC AACTTAGCAT 5640  
 AATATAGACA CTAGAAGGAG GAATTCAACA AATGAATGAC AAAACATCTA ATGATTTATA 5700  
 50 TGGGAAGATA AACATTGTA ACGAATTTAT CAATCATTCA AATGATTCCA ATCTATCTAG 5760  
 TAGTCACGAT GTCGACGAAA GTTCAACGAA GCAAAAACAT ATAAAAATA AAACAATAT 5820

55

	TTACCAAATG GTGAAAGCTT CGATCTTGAT TATATTAAAG AACGTATTTT ACACCAAGAT	2340
	GATGAACGAT TATTTTTCAT CGGCGAACAA TTAGAAGAGG CACAACATTA GAAGAAATTC	2400
5	ATAATATGAC TCAGATTGAT TACTTCTTCT TACACAAGTT CCAAAACATT ATTGATATTG	2460
	AGCATCAATT AAAAGAGCAT CAAGGTGATT TAGAATATCT TAAATATGCA AAAGATTATG	2520
10	GATTTAGTGA TAAACAATA GCGCATCGCT TTAATATGAC GGAAGAAGAA GTATATCAAT	2580
	TGCGTATGGA AAATGATATT AAACCTGTTT ACAAGATGGT TGATACTTGC GCAGCTGAAT	2640
	TTGAATCTTC AACACCATAT TATTATGGTA CATACGAAAC TGAAAATGAA TCCATAGTTA	2700
15	CTGACAAAGA AAAAATCTTA GTATTAGGCT CTGGACCAAT TCGAATCGGC CAAGGTGTAG	2760
	AATTTGACTA TGCGACAGTT CACGCCGTTT GGGCAATTCA AAAAGCAGGG TACGAAGCGA	2820
	TAATTGTGAA TAACAATCCA GAAACAGTTT CAACAGACTT CTCAATTTCT GACAAATTAT	2880
20	ACTTTGAACC TTAACTGAA GAAGATGTGA TGAATATCAT TAATTTAGAA AAACCTAAAG	2940
	GTGTCGTTGT ACAATTTGGA GGACAAACAG CGATTAATTT AGCAGACAAA TTGGCTAAAC	3000
	ATGGTGTTAA AATACTTGGT ACTTCACTAG AAAATCTAAA TCGTGCTGAA GATAGAAAAG	3060
25	AATTTGAAGC ACTATTAAGA AAAATTAACG TGCCACAGCC ACAAGGGAAA ACAGCTACAT	3120
	CACCTGAGGA AGCATTAGCG AATGCTGCAG AAATCGGATA TCCGGTTGTA GTAAGACCTT	3180
	CTTATGTATT AGGTGGTCGC GCAATGGAAA TTGTAGACAA TGACAAAGAG TTAGAAAAC	3240
30	ATATGACCCA GGCTGTAAAA GCGAGTCCGG AACATCCGGT ACTAGTCGAT AGATATTTAA	3300
	CTGGTAAAGA AATTGAAGTT GATGCGATTT GTGATGGAGA AACGGTCATT ATTCCAGGAA	3360
	TCATGGAACA TATTGAACGT GCTGGTGTGC ATAGTGGTGA CTCAATCGCT GTATATCCAC	3420
35	CACAACTTT GACAGAAGAC GAGTTAGCAA CACTTGAGGA CTATACTATA AAATTAGCTA	3480
	AAGGTTTAAA CATCATTGGC TTAATCAACA TTCAATTCGT TATAGCTCAC GATGGTGTGT	3540
40	ATGTTTTAGA AGTAAATCCA CGTTCTAGTA GAACGGTACC ATTCTTAAGT AAAATTACTG	3600
	ATATTCCAAT GGCACAATTA GCTATGCGAG CAATCATTGG GGAAAACTA ACAGATATGG	3660
	GTTATCAAGA AGGGGTTCAA CCATATGCTG AGGGTGTCTT TGTGAAAGCA CCAGTATTTA	3720
45	GTTTTAATAA ATTGAAAAAT GTTGATATTA CTTTAGGACC TGAAATGAAG TCAACAGGTG	3780
	AAGTGATGGG GAAAGATACT ACATTAGAAA AGGCGTTATT CAAAGGGTTA ACAGGTAGTG	3840
	GCGTTGAAGT TAAAGATCAC GGTACAGTAT TAATGACCGT CAGTGACAAA GATAAAGAGG	3900
50	AAGTTGTAA ATTGGCACAA CGCTTAAATG AAGTTGGCTA TAAAATTTTA GCAACGCTG	3960
	GAACAGCTAA TAAATTAGCT GAGTATGACA TACCTGCAGA AGTAGTAGGC AAAATTGGTG	4020

55

AGTGTCGTAC TTGTAGACTT TGGTAAGAAG CAAAATATTG TTCGAGAATT AAACGTCAGA 540  
 GGTGTGAACG TCACAGTTGT ACCATATACA ACTACTGCCG AAGAAATTTT AGCAATGGCT 600  
 5 CCAGATGGCG TTATGCTATC AAACGGACCA GGTAACTCTG AAGTTGTAGA ATGTGCGATT 660  
 CCAATGATTC AAGGAATTTT AGGGAAAATT CCGTTCTTTG GTATCTGTCT AGGACATCAA 720  
 CTTTTTGCAT TATCTCAAGG AGCAAGCTCA TTTAAAATGA AGTTTGGTCA TCGTGGTGCG 780  
 10 AACCATCCAG TTAAAAATTT AGAGACTGGA AAAGTTGATA TTACGAGTCA AAACCATGGA 840  
 TATGCAATAG ATATAGATTC GTTAAAAAGT ACTGATTTAG AAGTTACTCA TCTTGCATTA 900  
 AATGATGGTA CTGTAGAAGG TTTAAAACAT AAAACATTAC CAGCATTTTC TGTTCATAC 960  
 15 CATCCTGAAG CAAATCCAGG ACCGTCAGAT TCAAACATC TATTTGATGA TTTTGTAGCA 1020  
 ATGATGACTA ATTTTAAGGA AAAGGAGCGT CATATCAATG CCTAAACGTA ATGATATCAA 1080  
 AACAATTTTA GTAATAGGGT CTGGGCCAAT TATCATAGGT CAAGCAGCTG AATTTGATTA 1140  
 20 TGCTGGAACA CAAGCATGTC TAGCTTTAAA AGAAGAGGGA TATCGAGTTA TTCTTGTAAG 1200  
 TTCAAATCCA GCGACAATCA TGAAGTATAA GGAAATTGCG GATAAAGTAT ATATCGAACC 1260  
 25 GTTAACTCAT GATTTTATAG CGCGAATTAT ACGTAAAGAG CAACCTGACG CTTTACTTCC 1320  
 AACTTTAGGT GGTCAAACAG GTTTAAACAT GGCGATTCAA CTACACGAAA GTGGTGTGCT 1380  
 TCAAGATAAT AACGTCCAAT TATTAGGAAC TGAGCTAACA TCAATTCAAC AAGCAGAAGA 1440  
 30 CCGTGAAATG TTTAGAACAT TAATGAATGA TTTAAACGTT CCTGTACCAG AGAGTGACAT 1500  
 TGTAATACA GTAGAGCAAG CCTTTAAATT CAAAGAGCAA GTGGGATACC CGCTAATTGT 1560  
 TAGACCGGCA TTTACGATGG GTGGTACCGG AGCGGTATT TGTCATAATG ATGAAGAATT 1620  
 35 ACATGAAATC GTCTCAAATG GTCTTCATTA TAGTCCAGCA ACGCAATGTT TATTAGAAAA 1680  
 ATCTATCGCA GGTTTTAAAG AAATCGAATA CGAGTAATgC GTGaTAAAAA CGATAATGCC 1740  
 ATCGTTGTAT GTAACATGGA AAATATTGAT CCAGTTGGTA TTCATACAGG CGATTCAATT 1800  
 40 GTTGTGGCTC CTAGTCAAAC ATTATCAGAT GTTGAGTATC AAATGTTACG TGATGTTTCA 1860  
 TTAAAAGTTA TTCGAGCTTT AGGTATCGAA GGTGGTTGTA ATGTTCAATT AGCATTAGAT 1920  
 45 CCCCATTCAAT TCGATTATTA TATTATAGAA GTAAATCCGC GTGTATCAGG TTCATCAGCG 1980  
 TTAgtCTTCAA AAGCAACAGG ATATCCTATT GCAAAATTAG CTGCTAAAAT CGCGGTGGT 2040  
 CTAACATTAG ATGAAATGTT AAATCCAATT ACAGGAACAT CTTATGCAGC GTTTGAACCA 2100  
 50 ACTTTAGACT ATGTGATTTT AAAAATACCA AGATTTCCTT TTGATAAATT TGAAAAAGGA 2160  
 GAACGAGAGC TTGGCACACA AATGAAAGCA ACAGGTGAAG TTATGGCCAT TGGTCGAACT 2220



## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 319:

AATATTGaTa TTATATATAG TCGAATCaAT GATGACCCaC ATCGACcTAA TGCAAATAAT 60  
 5 AAGACAATCA AGCAGTTAAA TGACTTGTAT TGCTCGCGGA ATTAAAGATA TAATGAAATC 120  
 GCATTCAAGA AATTTGATAG TCATTTGCTA TCAATTTcAG AAATATATTA TGAATTGCTA 180  
 10 AATTTAATAA AAGCGAGTGA TCAGTATTAG AGAGAATAGA GCGTTAAGAC TCTATCGCCG 240  
 AAGcGCAAGT AATTTATTAC GAAACTCTCA GGcAAAAGGr TAATACTGTA ACGCGTTcCT 300  
 GAATTGGTGA TTTATAACA GGGTAGCGAT TGCTATCCTG TTTTATAAT TTTAAGGGGG 360  
 15 TATTTCAATG TCAAGTGATT TAAACAAAC ACCTTTATAT CAAAATTATG TTGATAGAGG 420  
 TGCAAAAATT GTGGAATTCG GAGGATGGGC GATGCCTGTT CAATTTTCAA GTATTAAAGA 480  
 GGAGCATAAT GCTGTTCGAT ACGAAATTGG CCTGTTTGAT GTTAGTCATA TGGGTGAAAT 540  
 20 TGAAGTAACA GGTAAAGATG CTAGTCAGTT TGTGCAATAT TTATTATCAA ATGATACTGA 600  
 TAATTTAACT ACTTCAAAAG CATTATATAC TGCTTTATGT AATGAAGAAG GCGGTATTAT 660  
 TGATGATTTA GTAATATATA AATTAGCTGA CGACAATTAT TTATTAGTTG TTAATGCTGC 720  
 25 TAATACTGAA AAAGATTTTA ATTGGATTTT AAAACACAAA GAGAAATTG ATGTTGAAGT 780  
 ACAAATGTA TCAAACCAAT ATGGTCAATT AGCAATACAA GGACCAAAAG CtAGAGATTT 840  
 AATTAATCAA TTAGTTGATG AAGAkGTAAC TGAAA 875

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 320:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 5897 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 35 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 320:

TCTTTTTTACG AAGGCTACCG TTTAGGATCT GATAACTTAA CTGTAGGAGA AATTGTATTT 60  
 AATACAGCGA TGACAGGTTA TCAAGAACT ATTTcAGATC CATCATATAC AGGTCAGATC 120  
 45 ATTACTTTTA CGTATCCATT AATCGGTAAT TATGGTATCA ATAGAGACGA TTTTGAATCA 180  
 TTAGTACCTA CATTAAACGG TATTGTAGTG AAAGAAGCGA GTGCGCATCC AAGTAATTTT 240  
 AGACAGCAAA AGACACTTCA TGACGTTTTA GAATTGCATC AAATTCCAGG GATTGCAGGT 300  
 50 GTTGATACAA GAAGTATTAC GCGTAAAATT CGACAACACG GTGTGTAAA AGCTGGTTTT 360  
 ACTGATCGAA AAGAAGATAT TGATCAACTT GTCAAACATT TACAACAAGT AGAATTACCT 420

ATAGATACAA GACCGATCAG AACGCTCTTT AAATAATTAC CTTTTTTAAA TGCAATAAAT 3120  
 AAATCGGTAA ATTTTACTTT TTCATGACTC ATTGCTCGTT TCATAACATT TGTAATTCCG 3180  
 5 ATAAAAATTT GAACTAAAAC AAACAGTGAA ACTACAGCTG CTATAAGTAA TACAGCGATA 3240  
 ACTTTTAAAT ATGCATCTAC TGGTGGTTTT TGCCCAAATT GTGAATAAAT TGCAATAGTT 3300  
 TGTGCATACT TAGCAAGCTG GAAATTAGCA AGTAAATATA CAACTGCAAT TACAGCAAAT 3360  
 10 GCTATAAGTG CATATATCAA TGTATTAAAT AATTGTGGTT TAGCATTTTT AAATGCTGAT 3420  
 TTAAAGTAAG TAAACAAAGT GGTGCCTCCT TTTCTTCA 3458

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 318:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 695 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 318:

25 GCTTGCAAGA TGCTTTCATT AAAGACAAAG TCATCGATAT TATGAATATG TTCCAAAATC 60  
 AACTGATAT CACTTATACG TTGAATAAGT CTCATGCACA TATTATATGT ACGCCAGAAa 120  
 TATTTGCTAA ATTGTTACAT ACGATTGCAA CTAGAAATAT CGACATTCTA TCTGCCAATT 180  
 30 ATAGATCGTC ATCTATGAGC AAAGCTCGTA TATCATAATA AAAGACACAT CTATACGATG 240  
 ATCATTTACA ATGATTGCGT ATAGTGATGT GTCTTTTTTT GTATTATTTA TCTTCGGACG 300  
 ATTGATCCTC AACCATTGTG TCAAATGCTT CACGAAGTTG TGGTACTGTC ATACCTACTA 360  
 35 CAACTTGGAT ACTCTTACCA CTCTTTACTA ATCCGTGTGC CATTTGTTGA TCGGTGAAAT 420  
 ATTCCGTATC TGCAACTTTA CTTTCATCAT AAACAGTTAA GCGTAATCTT GTTGACAGT 480  
 TAGTAACATC TTGATATTT TCTTTGCCGC CTAAACCGTC GAGGTAATAT GCAGCTTTGT 540  
 40 CTTCGTATTC ATTACCAGAT GAAGCACGTT TAGAATCTAC GCTATCACCT TTTTATTTT 600  
 TGTAATCTTG CTTAGAAAAT AATTAACTT CCTCTTCTGT TTyCTTACGT CCAGGTAATG 660  
 45 GAATATCAAA TTyCAAAAT AAGAATCTGA ATAAG 695

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 319:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 875 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

AACGTACAGA GCTTGTTAAG TGTTTAGATT ATTTACGAGA GAGCGACACA TTAGTTGTCT 1320  
 ATCAACTTGA TCGGTTAGGT AGAACGACAA AACTATTaAT TGAATTaTCA CAATGATTCTG 1380  
 5 ATGATAACGG AATTGACTTA CAAATTAGTA ACATGAACAT TTCAACGAAA GACACAATGG 1440  
 GCAAAATGTT TTTTACGATG ATGAGTGCAT TTTTCaGGAT TAGAAGTTAA TTTACTATGT 1500  
 GAGTGTATAA AATAGACTTA GCAGCAACAA GAGCGAGAGG CCGAAAAAGC GGGCGCCCCCT 1560  
 10 CTTTACCAGA GAATAAAAAA TGAGAAATTA AATTTTTTATA TGATGAACAA ACGATAACAG 1620  
 GGGAAGAAAT AGCTAGTTAG ACAAGGGTAT GTCACTCAAC TGTTTATCGA GTTGATTAAG 1680  
 AAATGAAAAA ACTTATACTA TGAATTACTG TTTAAAAGTG TGCATGTTAT AATATTTATT 1740  
 15 GAGCAAGTTG GATAGATGGT GGCTAATCTC TTAATAAAGG GGTGATGCCT ATGGTTATAG 1800  
 TTGTTACTCC TAGnAAAGGA CTAGCATGTC TGATTTTGAA ATGCTTATGG TTGTATTAAC 1860  
 AATCATTGGT TTAGTATTGA TTAGTACTCA AGACCATAAA AAATAaCCTT CTATTGCTT 1920  
 TGACCGGCAT TTTTGAAGGC TATTTTTAAA TAAAATATAA GGTCACCGTC TTTTAAACGG 1980  
 GCTCATTAGG GTAACATGTT TCCGAGTGTT GCCCTTTTGT TGTTTCAAGA GTTAATGATT 2040  
 25 TTCATCTTTT GCTTCTACTT GCTACAAATA TATTTTAAACA CATTTTCTT ATGAATTGTA 2100  
 GTTCTGAACA TAATCAGAAT TAATAAAACC AACTTTCCAT ACAGCAGAAA ATACAATTAA 2160  
 AAGTATAGAA TGTAATCAG AATTATATAA AAAGTATTGG AGACCTCTTC ATATATAGAT 2220  
 30 AATCACTTA GTTATTTTAG AAAGAAGCCC CTaCAACTA AAGTTGAAAA ATAGAGGAAC 2280  
 ACAGTTgGAT TACGCATCAA CTGCATaAgg CCCCTAAmAA CTAAAGTTGT AAGGGGCyCT 2340  
 AAAATTTATT TTGGTTGATT GTCTTCTGGT TTATCTGAAG TCATTGTTTT TGTTGTATTA 2400  
 35 TCATTTAATG AATCTTGTGC TTTTCTGTT TTTGTTTCAA CAGATGTTGT CACTTTATCA 2460  
 TTTTCTACTT TTGTATTTTT TGTTTCAGTG ACAACTTTTT TATTCTTGTC AGCTGTTTTT 2520  
 ACTTTATCTT TAGTAATTTT TTGACCACGT TTTAAGTAAT ATTGAACGAT ACCCATTAAA 2580  
 40 ATGATTGCAT GAATAACAAC GAATAAAATA ATTGTCATTA CTGTATAAAC TCTTATGATA 2640  
 TTTTCTGCAA CACTTTGAGA GAGTGATTGC GTATTAAATG AAATCAAGTA ACCAACAGGT 2700  
 GTTTTAAATA AAATAATAAT TAAGTTTAAT AATAGTATTC CAATGAAAAA TTTGAAAAAT 2760  
 GTTTTTTGAC CATTTTTTCAT TGCTTTAAAT CCATTAGCTA AGTGTGTTTT TACTTTATCG 2820  
 TTAGTTGATT CaACGAAACT AGTCaTAAAG TTGAAAATAG GTATTAAACA TAACCAAGTA 2880  
 50 ATAATTGCTT TAATCAATAA AACAACAATG ATTATGATGC TTTGAGTTGT AATAGCAATA 2940  
 CCAATCAGGT GTGTACTATC TGCATATGAT GATTGTACTG AATTCATAAT CATTTCTGAT 3000

55

GGAAAGCCAA CATAAAATGC AAAAGCGACG CCAGCACAGA ATAATAACAC GCTGAAAAAA 9240  
 CTATATTTAT AAATAAATTG ACGTTCATTA TTATGTAATC CAGGTGCAAT GAATGCCAC 9300  
 5 AATTGATAAA 9310

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 317:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3458 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 317:

ATTAGTATTA CACACTAATG TAAATAGATT GGTGGAGAA GAGATATTG CTAATAAGTG 60  
 CCTTGCTAAT AATGATGTTT AAATTATGAA TTCAATAAAA AAATTAATTG AAGCTGAGTT 120  
 20 ATTAACAACG ACTAATGATT TTGAAGTTAG TATATATAAA AAGACAAGAC CTGAATTACA 180  
 AAGTATTTTA AAAAGTTTGT GTATAAAAAC AACAGGTAAT AAACCTGACT TAATTAAACG 240  
 TATTGACGAC AATTTTCATA TTATTAATAA CTTAGATTTA CCATATGTAT ATATACCAAT 300  
 25 TAAGAAAGGA GAAGAAATTT TAAAGAAAAC AGAGTACTTA ACCTCTTTTA TACAAAGTTA 360  
 TGGTGAAATT TCTCTTGAGC GTGCTTATTA TTTGGTTGAA AACTATATAG ATGAAAATTG 420  
 CGATGATAAA GTTGCAGAAA TATACAAGTT TGAATTTCAA AGAAAATATG ACAATGGCGA 480  
 GTTTGATTTT AATCATGGAT ATAATTTTGA ATTGAATATG TTGATAGATC ACTATAAAG 540  
 AGATGTAAAA GACTACGATA ATGCCAGAAA GTATTCAAAT ATTTATCTTT ACTTTGGTTT 600  
 35 GAGAGATTTT TAAAAAAT TAATGAGTAA TTATTCATAT TACGATAGTA AAGGGAATAT 660  
 AGATTTGAAC GAAATACAAA ACGATCTGAA TAGATTTATC AACTCTAGCG CTTCTGGTAT 720  
 GTACGAGCGA TTAATATATA ATGAAAATTT ATCCAATAAT ATTATGTTTG AATTATTTAA 780  
 40 AAAGGACACA CAAGATTATA GTGATTTGGA AGAACAATTG ATTGAAAAGT TCATAAACTA 840  
 TGTAAGTGTCT AATGTAAAAA AAGAAAGTAG GAGTAATACT CTTATAGAGT TATCAAAAAT 900  
 TTTAGAGAAC GGATATACAA TTGATAAAGA AGAATTTAAA AAAGAAGATG ATTATCTTTC 960  
 45 TAAGTACATA TTTACTGACA TAGATTATTT GAAAAAGTTA GAATCAAAAA TAAACGTTGC 1020  
 TATTGATATT CGAAGTGGAG AAATTCATTT GGTATTAGAT GATGATAGCC TTGATATATT 1080  
 AATACAAAAT CAAAAATACG GCAATGAGTT TTGAGTCATA ACTAAATATA ATATGTTGAA 1140  
 50 GAGAGGTTTT ATTTAAATGG CTAAAATTGG TTATGATCGT GTATCAACGA AAGATTAATA 1200

	GCTAGTAAAG ATGCGGGTTC TAAAATTAAA CTATTGCAAC AGCAAGTCGA TGCTAAAGAT	7440
	GCTGCGATGA CAAAAGCGAT TAAAGATAAA AATAAAGCGG AATTAGAATC TTTGAACAAT	7500
5	AGTTTGAATC AGATTGGAC AAGTAATGAA ACAGTGATTG GCAATTATGA CGCAAATCAA	7560
	TATGGACAAA TTGAAGTCGC ATTATTACAA CTTAGAATTG CAATTCATAA GTCACCATTA	7620
	GATACGGCAA AAGTGTGACA TGCTTGGACA ACTTTTAAAT CAAATATTGA TCATGTCGAT	7680
10	AAAAAAGTA ATACGTCTGC AAATGATCAA TACCATGTAT CACAATTAAA TGATGCGTTA	7740
	GAGAAGGCGA TTAAAGCTAT CGACGACAAT CAATTGTCGG ATGCTGcaTg TCGCTTACA	7800
	CATTTTATAG AAACCTGGCC GTATGTTGAA GGTCAAATTC AAACCTAAAGA CGGTGCTTTG	7860
15	TATACGAAAA TTGAAGATAA AATACCATAT TATCAAAGTG TATTAGACGA ACATAATAAA	7920
	GCACATGTGA AAGATGGTTT AGTAGATTTA AATAACCAAA TTAAAGAGGT TGTGGCCAT	7980
20	AGTTATAGCT TCGTCGATGT GATGATTATC TTTTACGTG AAGGGCTAGA AGTGTGTGTA	8040
	ATTGTAATGA CATTGACTAC CATGACCGCT AATGTAAAAG ATAAGAAAGG GACTGCAAGT	8100
	GTGATTGGTG GTGCAATTGC CGGACTTGTA CTGAGTATTA TCTTAGCAAT TACGTTTGTA	8160
25	GAAACTTTAG GGAATAGTGG CATTCTTCGT GAAAGTATGG AAGCGGGATT AGGTATCGTT	8220
	GCGGTCATAT TAATGTTTAT CGTTGGTGTT TGGATGCACA AACGTTCAAA TGCAAAACGT	8280
	TGGAATGACA TGATTAAAAA TATGTATGCT AATGCGATTA GTAATGGTAA TTTGGTATTG	8340
30	TTAGCGACGA TTGGTTTAAT ATCTGTGTTG CGTGAAGGTG TCGAGGTTAT CATTTTCTAT	8400
	ATGGGGATGA TAGGTGAGCT AGCGACCAAA GATTTTATTA TTGGTATTGC TTTAGCTATC	8460
	GTTATTTTAA TCATCTTTGC ATTATTATTT AGATTATAG TTAAATTAAT ACCTATTTTC	8520
35	TATATATTTA GAGTGTGTC GATCTTTATT TTTATTATGG GATTCAAAAT GCTTGGCGTA	8580
	AGTATTCAAA AGTTACAATT ATTAGGTGCG ATGCCAAGAC ATGTTATTGA AGGATTCCCA	8640
	ACGATTAACT GGTGGGCTT TTATCCAAGT TATGAACCAT TGATAGCACA AGGTGCTTAT	8700
40	ATTATGGTAG TTGCTATCTT AATCTTTAAA TTTAAAAAAT AAAAAACAGG CCGAGTGCCT	8760
	GTTTTTTTTT TTGCTATATT GGAAATATTC GGTATTGCAG TATAACGATA ATCACAGCAT	8820
45	TGATTTCGTAT AAGGTTAATG TGTGGCGGT TTGCTCGGC ATGTGAACTT AACGATGAAC	8880
	ATACTGAACT CAAAGAGCAA TATGAGTGGC AATGTGAGTA ATATATTTAA TGTTAAATCG	8940
	GGTGGTGCAA TGATACTGC TAATACAAAG CAAGCGAAAT AAATATATTT ACGrTAATGT	9000
50	TTCAATGATG TGGTATCTAT AAGACCGAAT TTTGCAAGAC CCATAAATAA TATTGGTAAT	9060
	TGAAATAGAA GACCAAATGT GAATAACCAA CGTATGAGTT CAATCAAATA TGCTTTAAAG	9120

55

## EP 0 786 519 A2

GTTGAAGGCG CACAAAAAAT TTATGACTTA TTTAAACCTA TTTTAGAGAA AAAAGATAAA 5640  
 AAATTAAGTG ATGATATCCA AATGAACCTC GATAAAGTGA ATCAATTATT GGATAAATAT 5700  
 5 AAAGATAACA ACGGCGGTGA TGAGTCATTT GAAAAAGTAT CGAAGAAAGA CCGTAAAGCA 5760  
 TTTGCGGATG CTGTTAATGC ATTAGGAGAG CCACTAAGTA AAATGGCTGT GATTACTGAA 5820  
 TGACAAATTA TGAACAAGTT AACGATAGTA CGCAATTTTC AAGACGTACA TTTTGTAAAA 5880  
 10 TGTTAGGTAT TGGCGGTGCC GGTGTTGCAA TTGGCGCAAG TGGTGTGGT AGCATGTGGT 5940  
 CTTTCAAATC AATGTTCAAT ACACCAGAAG ATCCGAAAA AGATGCGTAT GAATTTTATG 6000  
 GTAAAGTGCA ACCAGGCATT ACCACACCCA CGCAAAAAAC ATGCAATTTTC GTTGCCTTAG 6060  
 15 ATTTGAAGTC AAAAGATAGA GATGCAATTA AGGCAATGTT TAAAAAGTGG ACGGTTATGG 6120  
 CTGATCGTAT GATGGATGGT GATACAGTTG GCAAGCCGAG TAACAATCCT TTAATGCCAC 6180  
 CAGTAGATAC CGGTGAATCG ATAGGATTAG GTGCAAGCAA GTTAACGATT ACCTTTGGGA 6240  
 20 TTAGTAAGTC TTTGATGAAG AAAATTGGGT TATCTAGTAA AATTCCCGAT GCCTTTAAAG 6300  
 ATTTACCGCA TTTCCGAAT GATCAGTTAA TAGACGATTA CAGCGATGGT GATATTATGA 6360  
 TTCAAGCATG CTCAAATGAT TCGCAAGTAT CCTTTCATGC GGTTCATAAT TTAGTTCGTC 6420  
 25 CATTTGAGA TATTGTAAAG GTACGTTGGG CGCAATCTGG TTTTATCTCT GCTAAAGGTA 6480  
 AGGAAACACC TAGAAATTTA ATGGCATTTA AAGATGGAAC AATTAATCCT AGGAAGAATA 6540  
 ATCAACTTAA AGATTATGTG TTTATTGATG ACGGATGGGC GAAACATGGA ACTTATTGCG 6600  
 TTGTCAGACG TATTCAAATA CACATTGAAA CGTGGGATCG TACTGCGCTG GAAGAACAAG 6660  
 AGGCTACATT TGGTCGGAAA CGACATAGTG GTGCACCGTT AACAGGTGGG AAAGAGTTTG 6720  
 35 ATGAAATTGA CTTAAAAGCG AAAGATAGTC ATGGCGAGTA TATTATTGAT AAAGATGCCC 6780  
 ATACGAGGCT AGCGAAAGAA GCAAATACGT CAATTTTACG TAGAGCCTTT AATTATGTGG 6840  
 ATGGTACGGA TGACCGCACA GGTAACCTCG AAACAGGCTT ACTTTTTATT GCTTTTCAAA 6900  
 40 AAGCGACAAA ACAATTTATC GATATACAAA ATAATTTAGG TAGTAATGAT AAATTAAATG 6960  
 AATATATTAC ACATAGAGGT TCTGCTTCAT TTTTAGTATT ACCAGGTGTT AGTAAGGGAG 7020  
 GATACCTTGG TGAAACATTA TTTGACTAAA TTTGTAGCAA TGCTAATAAC TGCTGCTATG 7080  
 45 GTGTGTAGCT TTGGGTTACT GAAAAGTCAG GCAGCAGAAC AACAAAGTAT TAGTGATGTA 7140  
 TATAGTGTGA TAACGGATGC GAAATCTGCA CTTTCTAATA ATTCGATATC GAATGACAAT 7200  
 50 AAGCAGAAAG CAATTGAGCA AGTGGTAAGT GCAGTTAAGA AATTATCGCT TGAAGATAAT 7260  
 AGTGAAAGTA ATGCTGTCAA ATCAGATGTG AGAAAGCTTG AAGATGCAAA AGCGAATGAT 7320

55

	ATTTTAAAT ATAAATTGG AATGAATAAT AAAGTAGTGA TTAAATTAAG TTGTGTGATA	3840
	GGAAACTTGG ACATCAATCA AAGTAATAGG CACTACAACG CTTATTGGCG GGGCCCCAAC	3900
5	AAAGAAGCTG ACGAAAAGTC agCTTGcaAT AATGTGCAAG TTGGGGATGG GCCCCAACAT	3960
	AGAGAAATTG GGTCCGTAAT TTCTACAGAC AATGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAG	4020
10	AATTTGAAA AGAAATTCTA CAAGCAATGC AAGTTGGGGA AGGACAACAA ATTTAAGATA	4080
	CAATGCGTAA CATTAAATATG TTATTATAAT GATAATTTAC AGAATTATAT GAAAAATGAA	4140
	TGAGGATGTG ATGGTATGTT TGGAATGAAA GTGAATGAAC AAATAACATT AAAAATTTTA	4200
15	GAAGCTCATG ACACAGAAGC GCTTTTCAAT TTAGTCAATC GTTCAAGAAA TTCACCTAGG	4260
	GAATGGTTAC CTTGGGTAGA TGCAACTGAG CAACCATCAG ATACGCGTGC ATTTATTAAA	4320
	AGAGGACTTT TGCAATTTGC TGATGGTAAT GGATTTCACT GTGGCATTGT GTATGAAGGA	4380
20	ACGCTAGTTG GTGTCATCGG TTTACATGAA ATTAATCACA TGCACAGAAA AACTTCATTA	4440
	GGGTACTATT TAGATAAAGA ATTTGAGGGT CATGGGATTA TGACACAAGC AGTTGAGGCA	4500
	TTGATAAAGT ATTGTTTCGA AGAGCTTGAC TTAAACCGAA TTGAGATTAG TGCCGCAGTT	4560
25	AATAATGAAA AAAGCCGGGC TATTCCTGAA AGGCTGGGAT TTAGTAGAGA AGGTATGTTA	4620
	CGTGACAATG AATTACTAAA TGGTATTTAT TCATCGAGTT ACATCTATAG TTTATTAAAA	4680
	TCAGAATACG ACCAAAAATG ACAAATTAGA CTTACAAAAG AGTGATGACA TTTAAAATGG	4740
30	CAGCGCTCTT TTATTTAATT TTTGAAAATA AAAGGTTGTT GACAGTATTA TTTTATAACA	4800
	ATATAATGAT TTTGATAATT ATTATCAACT AGATGATGTT TATGGGAGGA TGCTTTAAAA	4860
	CAGCCGTTTT AAGTGTAATG TATTATTTTA GCGTGTAGGG AATGCGAAAA TAATATTTAT	4920
35	AAGAACACAT CTATGGGGAT AATAGAATTT CTATAATGAG GTGTCAAAAT GAAAAAGTTA	4980
	ACAACGCTAT TATTAGCATC AACGTTATTA ATTGCTGCAT GTGGGAACGA CGATAGTAAG	5040
40	AAGGATGATT CAAAGACATC GAAAAAGAT GATGGTGTTA AAGCAGAATT AAAACAAGCA	5100
	ACAAAAGCAT ATGATAAATA TACTGATGAA CAGTTAAATG AATTTTTTAA AGGTACAGAA	5160
	AAATTTGTTA AAGCGATTGA AAATAATGAT ATGGCCCAAG CAAAAGCGTT ATATCCAAAA	5220
45	GTTTCGTATGT ATTATGAACG CTCTGAACCA GTTGCAGAAG CATTTGGAGA TTTAGATCCT	5280
	AAAATTGATG CACGCTCTGC AGATATGAAA GAAGAGAAAA AGGAAAAAGA ATGGTCAGGA	5340
	TATCATAAGA TTGAAAAAGC ATTATACGAA GATAAGAAAA TTGATGATGT GACTAAAAAA	5400
50	GATGCACAAC AATTATTGAA AGATGCAAAA GAATTGCATG CCAAAGCTGA TACATTAGAT	5460
	ATCACACCAA AATTAATGTT ACAAGTTTCT GTTGACCTAT TAAATGAAGT TGCAACTTCT	5520

55

	GTCATCAACG TTTTATGGCA CAGCTTGATT TTGGCGGTGT GCCATTTGAA AATGTTATGA	2040
	AGAATATTGA GTTAATTGGC AACGACATTA TACCGGCGAT TAAAAAGCAT TTATCAAAAT	2100
5	AGGAGGGGCG TCATCATGAA TATTGTATTA TTGTCAGGTT CCACAGTAGG TTCTAAAACG	2160
	AGAATTGCTA TGGATGATTT AAAAAATGAA CTAGAAGTCA TCAATGAGGG ACATCAAATA	2220
	GAGTTGATGG ATTTACGAGA ACTTGAATTA GAATTTAGCG TTGGAAAGAA TTATCTAGAT	2280
10	ACTACAGGAG ATGTATATAA ATTAACGACG TCGTTAATGC AGGCTGATGT GATTTTTTATT	2340
	GGTTTTCCAA TTTTTCAGC TTCCATCCCT GGTGCTTTGA AAAATGTGTT TGATCTACTT	2400
	CCAGTCAATG CGTTTCGTGA CAAGGTAATA GGACTTGTAG CGACAGCAGG TTCTAGTAAA	2460
15	CATTATTTAA TTCCTGAAAT GCATTTAAAA CCAATATTGA GTTACATGAA AGCACATACG	2520
	ATGCAAACGT ATGTATTTAT TGAAGAGAAA GATTTTTTCAA ATCAACAAAT TGTCAATGAT	2580
	GATGTTGTAT TTCGGTTAAA AGCGTTGGCA CAATCCACAA TGCGAACTGC CAAAGTACAA	2640
20	CAACAAGTGT TTGAAGAAGA AAACAACCAA TACGACTTTT AAAGTATAAA AATAAGACGC	2700
	TCGGCACACT AAATTTGTAA GTGTTTGAGC GTCTTTTCAT ATTAECTATA TAGCCAATGA	2760
25	ACGACGATAA AGGCAAGTGA TGACAAGCAT ATTGAGGTAA TAATGATTGT CATAAGCGGT	2820
	TTAAGTGCGC GATTTTTAAG ATCTTTAAAT GCAACATTTA ACCCTAAAGC AACCATGGCC	2880
	ATTAATAAGC AAATGTGTTA TACAGTATTT AAAATATTTA GCAATGCTGA CGGAATAGTT	2940
30	ACATATGTAT TCACTAAGGC CATAATGACA AATCCAATTA AAAAGTATGG AATGCTTATT	3000
	CGACCCTTGC TAGATGATTC TGATGAACGG AAACGCATAA TAAAATAAG TACGATGGTT	3060
	AATGGAATCA GTAAGAATAC TCTACCAAGT TTACCAAGAA GTGCAATTTT AAGTGCATCA	3120
35	CTACCACCAA AGCCACCAGC TAAGACAACG TGTGCAATTT CATGAAGACT AACACCAGAC	3180
	CAAGCGCCAT AAACATTTGT CGTCATTGAA AAGATAGCGT AGATAGCTGT ATATATAAGT	3240
	GAAAATATCG TACCAATCAA TGCGATGATA CCGATACTAA TAGCTGTATC CTTTTACGT	3300
40	GATTTGAATA TTGGAGCGAC TGCGGCAATA GCAGCAGCAC CACAAACGCC TGTGCCGACA	3360
	CCTAGTAATA ATGCGATGTT TTTGTCACCA TGCAACAGTT TGTTGACAAA GAGCATCATT	3420
45	ACAATACTGA AAATAACGAC ACCTACATCG ATGGCTAATA GTTTACTACC TTGACCGATA	3480
	ATATCGAATA TATTGAGTTT AAGTCCATAT AGGATGATTG CAAATCTTAA TAAATATTTA	3540
	GATGAAAACG TAATACCTGA GCTATATTGT TCAGGATATC CTCTAAAGTG ACGATATAGA	3600
50	ATAGCGATTA ATATCGCGAT AGTTAATGCG CCAACCTTAT CTAGGATTGG CAATTTAGCT	3660
	GCTAAAAAGC TAAATAATGC GACTATAAAT GTTAGTGATA GCCCAATCAT AAAATGCTTA	3720



	TTGGATTACG ATTAGTTGAA AAGTCGGTTA ATCAAGACAA TCCTTCAATG TATCATTTGT	240
	TTTATGGGGA CGAAGTAGGT ACAGCCGGAA CAATTTTAAG CTTTTTTGAA ATTCCCAATG	300
5	CGGGTCATAA GCAGCCAGGT ACTGAAACGA TTTATCGATT TTCATTATTA GTACCAAATC	360
	AAGCGGCACT TCATTATTTT GAAAAACGTC TTGAGAATAA TGGTATTAAG TCTGAACGTT	420
	TGTACTATCT TGGACAAGAA GGTGTTGTCT TTAAAGATGA AGACGACTTA GAAATCATAT	480
10	TGCTTGTTAA TGATAGTTTT GAAGTACCAC ATCAATGGCA ACATAACGCT TATAGTGAAA	540
	TACCTCAAGC ATATCAAATT TTAGGAATAG GGCCAGTCGA ATTAAGAGTT AGAAATGCAG	600
	CGCGTACGGT AGAATTTTTG GAAAATGTCT TAGGTTATCG CAAAAGAGAT AATAAATCAT	660
15	TCGATGTGCT GACATTAGCA CCACAAGGTT TATATTCGGA TTTTGTAGTT ATTGAGCAAC	720
	AGGGACAACG TGAAAGACCT GGACGAGGTT ATATCCATCA TATTGCAGTT AATACACCAC	780
20	AAATGAGTGA CTTAGATGCA ATTTACAAGA AATTACAACA ACAACCACAA AGTAATTCAG	840
	GTATAATTGA TCGCTATTTT TTAAATCAT TATACTATCG CCATAATTCA ATTATGTATG	900
	AATTTGCGAC TGAAGCGCCT GGATTTACTA TTGATACACC TGTTGAACAA TTAGGAAGTC	960
25	AATTGAACTT GCCTGACTTT TTAGAAGCAG AACGTGAACA AATTGAAAGT AAGTTACACG	1020
	AAATATAAAG GAGAATGTTT AATGGCCAAA TTAGAAATGA ATAAAAATAC GCCTCTTGAG	1080
	TTTGGTTTGT ATTCCTTAGG TGATCATTTA TTGAATCCAT TGAAAGGTGA AAAAGTTAGT	1140
30	TATGAGCAAC GTATTAATGA AATTATTGAA GCAAGTAAAT TAGCAGATGA AGCAGGTATT	1200
	GATGTTTTTG CAGTTGGTGA AAGTCATCAG GAGCATTTTA CAACACAGGC ACATACGGTT	1260
	GTGTTAGGTG CAATTGCCCA AGCGACAAAG CATATTAAAG TTTCAAGTTC TTCAACGATT	1320
35	ATTAGTGCAC AGATCCTGTA AGAGTATTTG AAGACTTCGC GACATTAGAT TTGATTTCTC	1380
	ATGGTAGAGC CGAAATTGTA GCTGGCAGAG CATCAAGAAC AGGTATTTTT GACTTGTTTG	1440
40	GCTATGATTT AAAAGACTAT GATGAATTGT TTGAAGAAAA ATTAGGTTTA CTTTTAGAGT	1500
	TAAATAAAAC TGAGCGTATT ACTTGGTCTG GAAAATATCG TCCAGAACTT AGAAATATGA	1560
	AAATATFCCC AAGACCAATC GATAATATAT TGCCAATATG GCGTGCTGTT GGTGGTCCAC	1620
45	CTGCAAGTGC TATTAAAGCG GGAAAACAAG GTGTGCCAAT GATGATTACA ACCCTTGGTG	1680
	GCCCAGCAAT GAACTTTAAA GGTTCATAG ATGCTTATCG TCAAGCGGCA ACTGAAGCAG	1740
	GTTTCGATgc TTCGCCTAAG TCTTTACCAG TAAGTACAGC GAGTCTGTTT TATACAGCTG	1800
50	AAACAACCTCA GGATGCTATG AGAGAATTTT ATCCACATTT GAATACAGGG ATGTCATTTA	1860
	TTCGTGGTGT TGGTTATCCG AAACAGCAAT TTGCTAATTC GTCAGATTAT CGAGAAGCGC	1920

55

TTGAAATTTT CTTCAATTTCT TTCGCATTTT TCGATTTCATC TTTCTTGAAC TCATTGTTAT 2940  
 ATGGTTTCGTC ATTTCCAAGA ATCATCAACT TCATACCATG TCGTTTATAG TTCGCATTTG 3000  
 5 TAATTTGAGC TTTACGAGCA GGTATTAATG GTTGTCTGA TACATCTTA AACATATTTT 3060  
 CTTCACTAGT GAAGTTTGA TCTTTCAATT CGAAATTGAA ACGTTTATAT GCATAGAAGA 3120  
 TGTATTCTGG ATCGGCTGCT GGATCAACAA ACGCCATATG TGTACCATTA AATTCTAAAG 3180  
 10 CTTTATTAGG TGTGCTTGGT AATAATTGTT TATCAAATGT ATCTTGATCT AACGTTTCT 3240  
 TACCTTTAAC TTCTTTCACC CATTTGTCGT AGTCTTTTG ACTAACGGCA TTTACTTTAA 3300  
 ATGTTTGACG TGAGAATCCT TCACCATTGA AGTTAGAGTT ACGACCTCTG AACGTACCAG 3360  
 15 TTTGAGATGC TTCTAACGTC CAATTCATTG TCATGCCAGT CATGGCATAT TTTTGACCAC 3420  
 CTAATTGTGG AATCCAGAAA CTGTGCATTG TATCCATAGC TTGAAGCTTA AATACAACAG 3480  
 GACGATCTTT AGGGATTGTT AATGTATTAA CAGTCTCTAT ATGTTTCATCT GGATAAGCAA 3540  
 20 AGAACCATTT GTATCCTGCA CTTACTGCAT ATACAACCAT TGGATCTTTC TCACTCTTCG 3600  
 GTGGTTTTTC GTAATCGTAT AAAGTTTTAA CTGTAGGAAT AGCTAAAGCA GCAACGATTA 3660  
 TGATAGGTAT TACAAACCAT ATTGTTTCAA TGATGGCATT ATGGTGCATC TTACCAGATT 3720  
 25 CGGCATTCTT ATTATAACTA TACTTGTAAT TAAAAATGGC GAACATGCCA AGTACAACGA 3780  
 AACAAATAAC AAGCATGAAG ACGATTGAAT AAAGAATCAA GAACTTCTGA CTACTTGCTA 3840  
 30 CTGGCCCTTT TCGGTTGAAA ATTTCTATAT TTGAACAACC ACTAAGTAAA ATTAGTGTGC 3900  
 CAAATAATAG AAGCAAAGAC TTAAATTTTG ACACTTTTTT GACCTCCTAA TACTACAAAT 3960  
 GTAGGGCTTA ACATTAATTT TAAGTTATTA CACAATATTT ACAAGGGCTT ATGGGAAAAA 4020  
 35 AATTAATAAA ATTGTATCAA AAATGTTGAT AAATCAAGGT GTGACGTGGG TTCACACATT 4080  
 TGTTAAATTT ATGTGTACAT TTTGTGACTA ATAGCGTTTT T 4121

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 316:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 9310 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 316:

50 CGAGTGAGTA CAmACATATT TTTATTTGCA AGGGGTAAAT GGCATATAAC TATCTTTTTT 60  
 ATGTAAGCTG GTATAAAATT TATACTAATA GGAGGGATAG TATGAATATA GTAGGGCATC 120

	TTGTTTGGCA TATGAATGTC TTTGTAATTA TGGTTGTCTA AGTAATGACG ACCATGTTCT	1140
5	TTCATATCAA CAAATGTGTC GTAGTCATTC CAATCTGGTG TAATGGCAAA GTTGTATTTA	1200
	GGTGGGAATTG CTGATGCAGT AGTCCACTCT AGAGTACGAC CAAGGCCATC CCAGTTATCT	1260
	CCAGTTGCTT CACGTGGAGA TTTGAAGTGA CTGTATACGA TACTAACAAC AAGGAATAAG	1320
10	AATCCGATTG CCATTAATAA TGCACCGATA GTTGAAATTA AGTTTAATAA GAACCAACCA	1380
	TCTGATGGCA TATAAGTGTA TAAACGACGT GGCATACCAT CTAATCCAAG AATGAATTGT	1440
	GGTAAGAAAC AAACGTAA A TCCGATCATG AAGAACCAGA AGCACCATTT GTTTAATGTT	1500
15	TCGTTTAATT TGTAACCCAT CATCTTTGGA TACCAGAAGA TTAAACCAGC TAAGCAGGCA	1560
	AATACAACAC CAGTAACCAA TGTATAGTGG AAGTGAGCTA CTAAGAAGTA CGTATTGTGA	1620
	TATTGATAGT CAGCTGATGC CATTGCTAAC ATTACACCGG TAACACCACC TAAAAGGAAG	1680
20	TTAGGGATAA ATGCTAATGA GAATAGCATT GGTGACTCAA ATGTAATACG TCCTTTATAT	1740
	AATGTTAATA ACCAGTTAAA CAATTTTACA CCAGTTGGAA TACCAATCAG CATTGTTGAA	1800
	ATTGAGAAGA ATGAGTTGAT TAACGCACCA TTACCCATTG TGAAGAAATG GTGAACCCAA	1860
25	ACTAAGAAAC TAAGGAACGC GATACCGGCA GTTGCCCATA CCATACTTTG ATGTCCGAAT	1920
	AAACGCTTAC GAGCGAATGT CGGGATAATT TCTGAGTAAA TACCAAATGC TGGAAGGATA	1980
	ACGATATAAA CTTCAGGGTG CCCCCATACC CAGAAGAAGT TAGCCCAAAG CATTGGCATA	2040
30	CCGCCATGTG CAACTGTGAA GAATGCTGTG TCAAATATTC TATCAGTTGT CATTAAATGCT	2100
	AACGCTACTG TTAAAGGAGG GAAAGCAAGA ATAACAATTA ATGTAGTAAT AAATGTTGTT	2160
35	ACTGTAAACA TTGGCATTG CATAAACTTC ATAGTTGGTG TTTTACATCT TAAAATTGTT	2220
	ACAAAGAAGT TGATACCTGT AGCTAAGGTA CCAAGCCCTG AAATTTGTAT AGCTATTAAG	2280
	TAATAGTTAA CACCCGGACC AGGACTGAAT TCACCTGCTA GTGGCGCATA GTTTGTCCAA	2340
40	CCAGCTGCTG GTGAACCACC AATAATAAAT GACAGGTTGA ATAAAATCAT ACCTGCAAAG	2400
	AATAGCCAGA AACTTACGTT GTTTAATACT GGAATGCAA CATCACGTGC TCCAATTTGT	2460
	AATGGAACAA CGATATTCCA TAAACCAAAG ATAAATGGCA TGCCATGAA GATAATCATG	2520
45	ATTACACCAT GTGTACTAAA AATTTCGTGA TAGTGGTTAG ATTCTAAAAA TTTGTTATCA	2580
	GGTACTGTGA ATTGCGCACG AATAAGTAAC GCATCAATAC CACCACGGAC GAACATTAAT	2640
	ACGGCACAGA TTAAATACAT AATACCGATT TTCTTATGGT CTACAGATGT GAACCATTCT	2700
50	TTGTAAAGAT ATTTCCATAA TTAAAGTAA GTAATTACTG CGATTAAACC AATAACTAAG	2760
	AATGGGGCAC CAATTTGTGC CATTGTAATC ATCAGTTAC CTTTAACTAG TAATTGATCC	2820

55

TGGCGTTCCA TTATACCGCC ATTAGTAATG ATTGCTTTAA CTGTTGTCAT CTTTTTAGTG 420  
 AGACCAATTG GTATTTATAT TTAAATGATG ATTGGTATGA GTACAGTAAC GATAGTATTT 480  
 5 GGTATTACAA CGTATTTCTC TGAAAAGAAA AAGTATAACA AAGATGTTGA AAAACGAGAG 540  
 AAAGATTACA AAGCTTATTT GGATAATAAA TCTAAAGAAA TTAATAAAGC GATTAAAGCA 600  
 CAACGTTTTA GTTTGAATTA CCATTATCCA ACGGtTGCTG AAATTAAAGA TATCGTTGAA 660  
 10 ACGAAAGCAC CAAGAATATA TGAnAAAACC ATCGGCATCA TC 702

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 315:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4121 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 315:

TATGTTCCGA CAACGAAACA AAGTGTAATT ACAAGAGCAA AGATAACTTT GAATGTTTGT 60  
 25 AAACGTCCAT CTTTACCTTC AGTTAAATGC ATGAACATTA ATAATTGArG TCCTGCTTGG 120  
 ACGAATGCAA AGCCAAAGAT AATTGTCAAC TTCGCGTGGA ATGTTAATGA CGTGTATAGT 180  
 GTTACGTAAA CTGCTAAAAG CGTTAATACG ATAGATGCGA TAAATCCTAC AGTATGTTTC 240  
 30 ATTATTGTAC TCATCCGCTA TACACCATCC CTATCATATA TACGGCAGTA AAGATGAAAA 300  
 CCCAAACAAC ATCTAAGAAG TGCCAGTATA AACTTACTAT AAATAATTTT GGCGCATTAT 360  
 ATTTGTCTAA TCCGCGTCGT TGGATTTGGA TTAATAAACA AATGGCCCAA ACGATACCTA 420  
 35 GCGATACGTG ACAACCATGC GTTCCTAATA GGATAAGAA ACTAGACCAG TAAGAACCAA 480  
 TTGTTGGGTT AACGCCTTCT GATGCATAGT GTGCGAATTC ATAAATTTTCG AATCCAACAA 540  
 40 AGACTAAACC TAAAAGTAAC GTAATGATCA TCCAAAACAT CATTAACTTT TGTTTTTCTT 600  
 GGCGCATGTA GTAAATAGCA ATACCACATG TGTAAGAACT GAATAATAAT GCAAACGTCA 660  
 TTATTAAAAC AAGAGGCAAT TCAAATAACT CAGTAGTCAT TTTACCTGCA TAATCGCCAC 720  
 45 CATGTTGCAA AGTTAATAGT GTCGCAAATA GGGTACCGAA TAACGCAAAT TCGGCTGTAA 780  
 TGAAAATCCA AAAGCCAAGC TTATTTAATT CGCCTTCATG TGTGCGTGAA TCAATAGTGT 840  
 TTGTATCATG ACTCATGACT TACAGCCTCC CTTTCTTTAA TACGCGCTTC TCTTAATCTA 900  
 50 GCTTCAGTTT CTGCAACTTC AGCAGCAGGG ATATGATATC CGTGATCGAT TTGGAAACTG 960  
 CGATAAATCA TAGTACCAAA AATACCGAAT AAACAAATTA ATGCTGGAAT TACAGTTTCG 1020

	GTTGATTCAC CGTTTAAGAT GCGTTTAATG TTTTGTAGCAA CACTTTCACC TTGTTGCATT	2160
	GCAATTTGTG CTGTAGTTGG TAATGGACGT TCTTCTCCAG CTGGGATAAA CGCTGAACAG	2220
5	TCACCAATAA CAAAAATGTT GTCGTAACCA TTGATTGTTA AATCTTGCTT TGTAACGATA	2280
	CGTCCACGTT TAACGCCTTC AAATGATTCT TCCATTAATT TACTACCACG TACACCAGCT	2340
10	GCCCATACTG AAGTACCTGC ATTTAATTGT TGTTTTTCAC CATCTACTTC AACTACAAAA	2400
	CCTTTTTTCGT TACAAGCAAC GATTGGTGTA GCAATTTTAA ATTCAACACC GCGGTCTTCT	2460
	AAGTAGCTAA CTGCGTGGTT AACTAATTCT TCTGAGAACA TTGGTAACAT TTTAGGTGCT	2520
15	GCTTCAACAC AAGTGATTTT AACTTTATTT TGATCCACAC CATATTTGCT ACATAATTCA	2580
	GGAATTCTGT CTGTTAATTC ACCTAAGAAT TCAACACCAG TGAATCCAGC ACCACCAACT	2640
	AAGATAGATA AATCGTTATC ATCTTTTTCT TTTGATGCTG CATAGTTAGC AAATTTGTCT	2700
20	TCGATATGAC GTGATAATTC ACGTGCTGTG ATAACATTTT CAATTTGGAA AGCATGATCT	2760
	TTCATACCTT CGATGCCGAA TGTTTCACTA ACGAAACCTA ATGCTACTAC TAAATATCA	2820
	AAGTCATAAA TACCTTGATT TGTTTCTACC TTTTGTAGCAT CACGGTCAAT TTTTGTTACT	2880
25	TCTGCTTGAA CAAAGTTCAC TTTGTCTTTC TTCAAGACAC TTTCCACAGG ATATAATACA	2940
	TCTTCATAGT TTAGTGTAAC TGCTGATGCT TCATGTAACC ATGTTGCTTC ATAGTGATAT	3000
30	TCATTTTTAT TAATAAGCGT AATTTCTGCT TCTTCTGTTG ATATCGCTTT TTGCAATTTA	3060
	GTTACAGTTT GTAAACCTGC ATAACCAGCA CCAAGTACAA GTACTTTTTT ACGATCTTGA	3120
	GCCATTTAAT TnCACCTAAG CnTTCATATT TTTTAAACCA AATGCTGATA ATTAC	3175

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 314:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 702 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 314:

45	CATCATTATT AAAGATTTTC AATCAATACA gAATCACAAT ACGTACGCAT TGTGCACGAT	60
	AAAAATACAG ATGTGTATAT TAACTATGAA CTACAAGAGC AACTAACGAA CAAAGCTTAC	120
50	ATTGGTGATC ATATTTATGT TGAAGGGATA TGGCTCGAAG TACAAGCTGA TGGTTTAAAT	180
	GTATTGAGTC AGAATACAGT GGCATCGTCA TTAATTCGCT TAACACAAGA GATGCCACAT	240
	GCACAGGCAG ATGATTACAA TACGTACCAT CGTTCGCCAA GGATTATTCA CCGTGAACCG	300

	AATTAAATTA TTGTTGTTTT AACCATTGTA CTATCGTCGG AATCATAAAT CCTGTTGGCC	360
	CTTTTGGACC ATTATATGAA GCTTTATTAG TCGTTGCTGG ACCTGCAATA TCGAAATGAA	420
5	TGTGAGGTGT TTGACCACTA AAATGTGTTA CAAAACCTGC CGCAAATAGC GCTTTACCTT	480
	GTCCATTTCGT ATGGTTAACT AAATCAGCGA TATCACTGTG TTTAATACTT GCACGTTCCG	540
	TTGCAGTAAT CGGTAATTCA AATACCATTT CATCGACTTC AGAACTTATT TGTAATATAT	600
10	CGTTTAATAT CACTTTACTA TTCGATTCAA ATGCAGCAGC TTTATCATCG CCTAGTGCAa	660
	CAATTGCTGC ACCCGTTAAT GTAGCAAAGT CCATAATCAC ACTAGGCTGA TATTGATTGT	720
	CATAAAACAC AGCATCTGCA AGGACTAATC TACCTTCAGC GTCTGTATTC ATTACTTCTA	780
15	CAGTTTCACC ACTTAATGCT GTAAATACAT CATCTGGcTT CATTGATGCT TCATTTATCA	840
	TATTTTCAGC ACACGCAAGC ACTCCGACAA TATTTACAGG CAGTTGTAAA CGActAGCCG	900
20	CTTCAATGAT ACCAACGACA TTCGCAGCGC CACACATGTC AAACCTTCATT GTAGCCATGC	960
	CATTCTTCGT TTTAATACTA TAACCACCAG AATCATACGT TATACCTTTA CCAACTAAGG	1020
	CAATTGGTGC TTCATCTTTG TCCTTGCCAT TATATGTGAT GGTACTAAT CTCGGTTTAT	1080
25	GCTTACTACC TTTACCTACT GCTTGTAATA GTCCGAATCC TTCAGAACT AAAGTGTGAT	1140
	AATCTTTAAC ATCTACTTTG ACCTTTGTAT TTTTAAAATG ATTAACAATA TCTTCTGcAA	1200
	ATGTTTGTGG TGtTAATACA TTCGGTGGcA TATTACTAAA GTCTCyTGcC AAATTAATGG	1260
30	aTTGGcCAAT ACTGATACCC TCATGAATAA AATCTAATTC AATTAATGAT TCACTAATAA	1320
	GGkTTAAATT CGTCTTAAAC GGtGCCTTCT kACTTgrTTT ATAATGATCG aATyCATATG	1380
	kTGcACGCTC ACTTTGGAAT ACCGCATGCC ATTAATACAT CTGgATAACT GgATCcATAT	1440
35	TTTGgAnATA AATGaATCCa TAAGTAAATA CGTATCTTca ATGTGTTCTG ACTTTATGTA	1500
	TTGGAAAAGA TGTCCCCaTA TTTTCAACAT ATCTTGATAA tACGTGTCTT TAAGTTTCCT	1560
40	AAACCAACTG TAATTAAACG ATATGTTTGA TCTTGACAT CAAATGCAGT TGTATAAATC	1620
	TTCCCAACTT TACTACCAAT AATATGTTGA TGTTTTAGTC TTTCAAGTGA TTCTGTAATA	1680
	TCGATATGAT TAAAACTAAT GCGCTCTAAC TGATTTAAAT GTTCTGGTAT ACCAATAATC	1740
45	AATGTATTTA TTTCGTTGCT TAGTGTGTTA TTTAATTTAA AATTCATAAT GTACCTCCTT	1800
	AGATTTGATA TGTTACTCAC TTCAAATTGT ACAACAATAA AGCCCTcAGT GACACTGAAG	1860
	GACTTTATAA ATGAATAATT TAATTTTATG TGTTTAGCTG AAACCTTTATT TAAAGCCTAG	1920
50	AATTTACCTT TTTTGAATGC TAAACCGATA CCACCGATTT TGAATACCGC ACGTGTATCA	1980
	ATCACTTTTT TCATGAATGC TGCTTTTTTA CCAGCGATAG GTTTACCAAA TACCATACCT	2040

55

	1	CCTTCGACTG GCACTGCTCC CTCAGGAGTC TCGCCATTAA TACTACGTAT TAACATGTAA	6900
5		TTTTACTTTT ACATACTTTA AAAAAATAAA ACACTTTGCC CAACTTGCAC ATAAATGTAA	6960
		AATTCAATAA AATGAATTTT CTGTGTTGGG TCCCTTCGTA TAATTTAATA AATACCACTA	7020
		AACTAAATTA ACGAGGTGCC TTATGTATAA AATTTATAAC ATGACCCAAC TTACTACTACC	7080
10		AATAGAAACC TCTGTTAGAA TTCCTCAAAA TGATATTTTCG CGATATGTTA ATGAAATTGT	7140
		TGAAACGATA CCTGATAGCG AATTCGATGA ATTCAGACAT CATCGTGGCG CAACATCCTA	7200
		TCATCCAAAA ATGATGTTAA AAATCATCTT ATATGCATAT ACTCAATCTG TATTTTCTGG	7260
15		TCGTAGAATA GATAAATTAC TTCATGACAG TATTCGAATG ATGTGGTTAG CTCAAGATCA	7320
		AACACCTTCT TATAAACTA TTAATCGTTT TAGAGTGAAT CCTAATACTG ATGCGTTAAT	7380
		TGAATCTTTA TTTATTCAGT TCCATAGTCA ATGTTTAAAG CAAAATCTTA TTGATAATAA	7440
20		TTCAATTTTT ATTGATGGTA CAAAAGTAGA AGCTAATGCC AATAGATATA CATTGTGTG	7500
		GAAGAAAAGT ATTCAAAATC ACGAATCGAA ATTGAACGAA AATTCAAAAA CATTATATCG	7560
25		TGACTTAGTT GAAGAAAAA TAATACCAGA GATAAAAGAA GATGGAGATA GCGATTTAAC	7620
		AATAGAAGAA ATAGATTTAA TTGGTAGTCA TTTAGATAAA GAAATCGAAG ATTTAAATCA	7680
		TTCTATTGAG AACGAAGATT GTGCTCAAAT TAGAAAACAG ACCCGTAAAA AAATAACTGA	7740
30		GATTAAGAAG TTCAAAAAGA AATTTGATGA TTATTCCGAA AGAAAAATA AATATGAAGA	7800
		ACAAAAATCG ATTCTTAAAG ATAGAAATAG TTTTCTAAA ACTGATCTGA TCATGATGCA	7860
		ACTTTTATGA GAATGAAGGA AGACCATATG AAAAATGGCC AACTTAAGCC AGGATACAAT	7920
35		TTACAAATAG CGACAAATTC TCAAAAATGT TTTATCCTAT GACCTATTTT AA	7972

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 313:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3175 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 313:

	1	ATTTTTTAGT TAATTGTCTT TCTTAAAATA ATTTTAGCTT TCATTAAATT AAACAATTTT	60
50		ACAAGCTTGG AACACCAATC AAAATCCTAA GTTCTAAAAT GCAATATTAG TAGTCGTTGA	120
		CTGAATGAAC ATATGCTTAT AATATTTTTT TGCAATGCTA GTCAAGTTGA TTTATGCTCA	180
55		CAAGGATATG CGATTTATAT TTTCTTACAA CAATGAAAAT GCCTGATACA ATGCGATCCT	240

	TAAAGATATT GACCATGCTA AAAAAGAAGT TAAATGTGAT ATTTTAAACT CTGGTGAGCT	5100
	TAAAAACAAA AAAGGTGTTA ACTTACCTGG CGTAAGAGTA AGTTTACCTG GTATTACAGA	5160
5	AAAAGATGCT GAAGATATCC GTTTCGGTAT TAAAGAAAAT GTTGA CTTC A TTGCAGCAAG	5220
	TTTCGTACGT CGTCCTAGTG ATGTTTTAGA AATTCGTGAA ATTTTAGAAG AACAAAAAGC	5280
	TAACATTTCA GTATTCCCTA AAATTGAAAA CCAAGAAGGT ATTGATAATA TTGCGGAAAT	5340
10	TCTTGAAGTG TCTGATGGTT TAATGGTTGC ACGTGGTGAC ATGGGTGTTG AAATTCCACC	5400
	TGAAAAAGTA CCAATGGTTC AAAAAGATTT AATCAGACAA TGTAACAAAT TAGGTAAACC	5460
15	AGTTATTACA GCTACACAAA TGTTAGATTC TATGCAACGT AACCCACGTG CTACACGTGC	5520
	AGAAGCTAGT GACGTTGCCA ACGCAATCTA TGATGGTACA GATGCAGTAA TGTTATCTGG	5580
	TGAAACTGCT GCTGGTTTAT ATCCTGAAGA AGCTGTTAAA ACAATGAGAA ATATTGCTGT	5640
20	ATCAGCTGAA GCAGCCCAAG ATTACAAAAA GTTATTGTCA GATCGTACTA AATTAGTTGA	5700
	AACTTCATTA GTGAATGCTA TCGGTATTTT GGTTCACAT ACAGCTTTAA ACTTAAATGT	5760
	TAAAGCAATT GTAGCTGCTA CTGAAAGTGG TTCAACGGCA CGTACTATCT CCAAATATCG	5820
25	TCCACATTCA GACATTATTG CGGTGACTCC AAGTGAAGAA ACTGCACGTC AATGTTCAAT	5880
	TGTTTGGGGA GTTCAACCTG TAGTTAAAAA AGGACGTAAG AGTACAGATG CATTGTTAAA	5940
	CAATGCAGTT GCAACAGCTG TTGAACTGG TAGAGTATCT AATGGTGATT TAATCATTAT	6000
30	TACTGCTGGT GTACCAACTG GTGAACTGG AACTACTAAT ATGATGAAAA TCCACCTAGT	6060
	TGGTGACGAA ATTGCTAATG GTCAAGGTAT TGGACGTGGA TCAGTTGTTG GTACTACGTT	6120
35	AGTTGCTGAA ACTGTTAAAG ATTTAGAAGG TAAAGATTTA TCTGACAAAG TTATCGTTAC	6180
	TAACTCAATC GATGAAACGT TTGTACCTTA TGTAGAAAAA GCTTTAGGCT TAATTACAGA	6240
	AGAAAATGGT ATTACATCAC CAAGTGCAAT TGTTGGTTTA GAAAAAGGTA TTCCAACAGT	6300
40	TGTAGGTGTA GAAAAAGCTG TTAAAAACAT AAGCAATAAC ATGTTAGTTA CGATTGATGC	6360
	TGCTCAAGGT AAAATCTTTG AAGGATATGC AAACGTACTA TAATTTATAA AAAAACGTCT	6420
	TTCCATTTAT CAACAATGGA AAGGCGTTTT TTGGTTcATC TGGTATTTTA TGACGTAATT	6480
45	AATAGGTTAT TTGATAATGA TAGTGTATGA ATGGCAATCT ATATAAATGT TTATATCTTT	6540
	TATACATGTA CATTATCACC TTCAAACTTT CACTCATATT ACTTTGGAAA TTTATTATAA	6600
	AATAGAAGTA TGGATGTATT TCTGAAATGA TACATTATTA AATAGATGAG AAAGTAAAAG	6660
50	TTTTGAGCCA AGTACGCAAT TTAATATTAT AAGTTGCATA TAAAACAGGA TGGGACATAA	6720
	ATCCCTAAAA AAACAGCAGT AAGATAATTT TCAATTAGAA AATATCTTAC TGCTGTTCTC	6780

55



	GGTGACATA AAGATATTGA ACAGCAAGCT TTAGCTATTA AATCAGCGTT TGTGACACAG	3300
	TTAGATTCAC TTGAGTCATT ATCACGTGAT GAAATTGCTA ATGATCGCTT TGAAAAATTC	3360
5	AGAAATATCG GTTCTTATAT AGAATAATCA ACTTGAGCAT TTTTATGTTA AATCGATACT	3420
	GGGTTTTACC ATAAATTGAA GTACATTAAA ACAATAATTT AATATTTAGA TACTGAATTT	3480
10	TAACTAAGAT TAGTAGTCAA AATTGTGGCT ACTAATCTTT TTTAATTAA GTTAAATAA	3540
	AATTCAATAT TTAAACGTT TACATCAATT CAATACATTA GTTTTGATGG AATGACATAT	3600
	CAATTTGTGG TAATTTAGAG TTAAAGATAA ATCAGTTATA GAAAGGTATG TCGTCATGAA	3660
15	GAAAATTGCA GTTTTAACTA GTGGTGGAGA TTCACCTGGA ATGAATGCTG CCGTAAGAGC	3720
	AGTTGTTCGT ACAGCAATTT ACAATGAAAT TGAAGTTTAT GGTGTGTATC ATGGTTACCA	3780
	AGGATTGTTA AATGATGATA TTCATAAACT TGAATTAGGA TCAGTTGGGG ATACGATTCA	3840
20	GCGTGGAGGT ACATTCTTGT ATTCAGCAAG ATGTCCAGAG TTTAAGGAGC AAGAAGTACG	3900
	TAAAGTTGCA ATCGAAAACT TACGTAAAAG AGGGATTGAG GGCCTTGTAG TTATTGGTGG	3960
	TGACGGTAGT TATCGCGGTG CACAACGCAT CAGTGAGGAA TGTAAGAAA TTCAAATAT	4020
25	CGGTATTCCT GGTACGATTG ACAATGATAT CAATGGTACT GATTTTACAA TTGGATTGTA	4080
	CACAGCATT AATACGATTA TTGGCTTAGT CGACAAAATT AGAGATACTG CGTCAAGTCA	4140
	CGCACGAACA TTTATCATTG AAGCAATGGG CCGTGATTGT GGAGATCTAG CATTATGGGC	4200
30	TGGATTATCA GTTGGTGCTG AGACAATTGT AGTTCCAGAA GTGAAAACAG ATATTAAAGA	4260
	AATAGCTGAT AAAATTGAAC AAGGTATTAA ACGTGGTAAG AAACACTCAA TCGTTCTTGT	4320
35	AGCAGAAGGT TGTATGACTG CGCAAGATTG TCAAAAAGAA TTATCACAAT ACATCAATGT	4380
	TGATAATAGA GTGTCTGTGT TAGGTCACGT TCAACGTGGT GGTAGCCCAA CAGGTGCGGA	4440
	TAGAGTTTTA GCATCACGTT TAGGTGGATA TGCGGTAGAC TTATTAATGC aAGGTGAAAC	4500
40	AGCTAAGGGT GTTGAATTA AGAACAATAA AATTGTAGCA ACATCTTTTG ATGAAATTTT	4560
	TGATGGTAAA GATCATAAAT TTGATTATAG TCTATATGAA CTTGCTAACA AGTTATCTAT	4620
	ATAAGATTTT AGGAGGAATT ATAAATGAG AAAAATAA ATTGTATGTA CAATTGGACC	4680
45	AGCTTCAGAA TCAGAAGAAA TGATTGAGAA ATTAATCAAT GCTGGTATGA ACGTTGCACG	4740
	ATTAACTTT TCACATGGTA GTCATGAAGA GCATAAAGGT AGAATTGATA CAATTCGTAA	4800
	AGTAGCTAAA AGATTAGACA AAATTGTAGC AATTTTATTA GATACAAAAG GTCCAGAAAT	4860
50	TCGTACGCAT AATATGAAAG ACGGTATCAT TGAAGTTGAA CGTGGCAACG AAGTTATTGT	4920
	TAGCATGAAT GAAGTTGAAG GAACACCTGA AAAGTTCTCA GTAACATATG aAAACTTAAT	4980

55

	ATTAAAATGA TGAAAATGAA AGTTTATGAT AAACATTCAA CAGTCAAACG AATATAAATC	1500
	AAATAAATTT AAACCCGTTT TTAAGTGGTC AAGTTCAGTT TAAGGCTCTA AATGGTTAGA	1560
5	ACAGAGGTTA TTTGGAGGTT TTCCTATGTT TAAAGATTTT TTTAATCGAA CAAAGAAAAA	1620
	GAAATATCTT ACAGTACAAG ACTCTAAAAA TAATGATGTG CCTGCAGGTA TTATGACTAA	1680
	GTGTCCAAAG TGTAAGAAAA TTATGTACAC AAAAGAATTA GCTGAAAATT TAAATGTGTG	1740
10	CTTTAATTGT GATCATCATA TTGCTTTAAC TCGGTATAAA CGTATAGAAG CAATTTCTGA	1800
	TGAAGGATCA TTTACAGAAT TCGATAAGGG AATGACCTCT GCGAATCCAT TAGATTTTCC	1860
15	aAGTTATTTA GAAAAAATTG AAAAGGACCA ACAAAGACA GGTCTTAAAG AAGCAGTTGT	1920
	GAAGTGTACA GCACAAC TAG ATGGTATGAA ATTTGGCGTT GCTGTCATGG ATTCACGTTT	1980
	TAGAATGGGA AGTATGGGAT CGGTTATCGG TGAAAAGATA TGTGCGATCA TTGATTACTG	2040
20	CACTGAGAAC CGTTTACCAT TTATTCTTTT CTCTGCAAGT GGTGGTGCAC GTATGCAAGA	2100
	AGGTATTATT TCCTTGATGC AAATGGGTAA AACCAGTGTA TCTTTAAAC GTCATTCTGA	2160
	CGCTGGACTA TTATATATAT CATATTTAAC ACATCCAAC ACTGGTGGTG TATCTGCAAG	2220
25	TTTTGCATCA GTTGGTGATA TAAATTTAAG TGAGCCAAAA GCGTTGATAG GTTTTGCAGG	2280
	TCGTCGAGTT ATTGAACAGA CAATAAACGA AAAATTGCCA GATGATTTCC AAAGTGCAGA	2340
	ATTTTTATTA GAGCATGGAC AATTGGATAA AGTTGTACAT CGTAATGATA TGCCTCAAAC	2400
30	ATTGTCTGAA ATTCTAAAAA TCCATCAAGA GGTGACTAAA TAATGTTAGA TTTTGAAAAA	2460
	CCACTTTTTG AAATTCGAAA TAAAATTGAA TCTTTAAAG AATCTCAAGA TAAAAATGAT	2520
35	GTGGATTTAC AAGAAGAAAT TGACATGCTT GAAGCGTCAT TGGAACGAGA AACTAAAAAA	2580
	ATATATACAA ATCTAAAACC ATGGGATCGT GTGCAAATTG CGCGTTTGCA AGAAAGACCT	2640
	ACGACCCCTAG ATTaTATTCC ATATATCTTT GATTGTTTTA TGGAACTACA TGGTGATCGT	2700
40	AATTTTAGAG ATGATCCAGC AATGATTGGT GGTATTGGCT TTTTAAATGG TCGTGCTGTT	2760
	ACAGTTaTTG GACAACAACG TGGAAAAGAT ACAAAGATA ATATTTATCG AAATTTTGGT	2820
	ATGGCGCATC CAGAAGGTTA TCGAAAAGCA TTACGTTTAA TGAAACAAGC TGAAAAATTC	2880
45	AATCGTCCTA TCTTTACATT TATAGATACA AAAGGTGCAT ATCCTGGTAA AGCTGCTGAA	2940
	GAACGTGGAC AAAGTGAATC TATCGCAACA AATTGATTG AGATGGCTTC ATTAAAAGTA	3000
	CCAGTTATTG CGATTGTCAT TGGTGAAGGT GGCAGTGGAG GTGCTCTAGG TATTGGTATT	3060
50	GCCAATAAAG TATTGATGTT AGAGAATAGT ACTTACTCTG TTATATCTCC TGAAGGTGCA	3120
	GCGGCATTAT TATGGAAAGA CAGTAATTG GCTAAAATTG CAGCTGAAAC AATGAAAATT	3180

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 312:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7972 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 312:

	TATAAATATT ATTTTATTAT CGTTTATCGC TATTTGTGTT ACATAATCAA AACCATAAAT	60
15	TCTTACTCAT TCAGATTTAC CCAATATTTT TACTTTTATA ATGTAATGCG TTTTATCCAA	120
	GTTATTTTTT AAAAATAAAT ATTGAATTnG GGGCTGnTTT CATGTCATTA AGAGATGAAG	180
	CATTGGAAAT GCACAAACGT AATCAAGGTA AATTAGAAGT TAAACCAAAT GTAAAAGTTA	240
20	CTAATAAAGA GGAATTAAGT TTAGCATACT CACCTGGCGT TGCTGAACCG TGTAAAGATA	300
	TTTATGAAGA TAAAAGAAAA GTATATGATT ACACAATTAA AGGAAATACA GTTGCAGTTA	360
	TTACTGATGG AACAGCGGTA TTAGGTTTAG GTAACATTGG ACCTGAAGCA AGTATTCCTG	420
25	TAATGGAAGG TAAAGCAGTA TTATTCAAAA GCTTCGCTGG TATCAATGGG GTGCCTATTG	480
	CGTTAAATAC AACTGATACC GAAGAAaTCA TTAAACAGT TAAGTTGTTA GAACCTAATT	540
30	ATGGTGGTAT TAATTTAGAG GATATTTTCGG CACCACGTtG TTTTGAAATT GAAGAACGAT	600
	TGAAAAAAGA AACTAATATT CCGGTATTCC ATGACGATCA ACATGGTACA GCAATTGTAA	660
	CATTGGCAGG TTTGGTAAAT GCATTGAGAG TTGTTAACAA AGATATTGCT AAAATAAAAG	720
35	TTGTACTAAA TGGTGCTGGT GCAGCAGGAA TAGCCATTGT TAAATTACTA TACGCGTATG	780
	GTGTAAGAAA TATGGTTATG TGTGACTCAA GAGGCGCAAT TTTTGAAGGA CGTTCATATG	840
	GTATGAATCC TACGAAAGAT GTTGTAGCAA AATGGACAAA TAAAGATAAG ATTGAAGGGT	900
40	CTTTAGAAGA AGTCGTAAAA GACGCAGATG TATTTATCGG GGTTTCTGTA GCTAATGCGC	960
	TGTCACAAGA TATGGTTAAG AGTATGGCAG ATAATCCAAT TATATTTGCA ATGGCTAATC	1020
	CAAATCCTGA AATAATACCT GATGATGCCA AAGCGGCAGG TGCACGAGTT GTTGGTACAG	1080
45	GACGTTCAGA CTATCCTAAC CAAATTAATA ATGTATTAGC TTTCCCTGGT ATTTTTAGAG	1140
	GTGCATTAGA GGTTGAAGCT ACACATATAA ATGAAGAAAT GAAAAAGGCA GCTGTAGAAG	1200
	CGATTGCTGA TTTAATCGAT AGTTCTGAAT TAAATGAAGA CTA CTGTATC CCAGGACCGT	1260
50	TTGATAAACG TGTAGCGCCA TCAGTTGCTC GTAATGTTGC TAAAGCGGCA ATGGAATCTG	1320
	GAGTAGCTAG GATTGAAGTT GATCCGCAAG ATGTGTATGA TAAAACAATG AAACCTACAG	1380

CATGGTGGGG CTTATATGCG TTATTAGGTA TGTTAGCTTT ATTCATTCCT AAATTCAGAA 12120  
 AAGAATCTAA ATAATTAnCT AAATATAGCA TATGTATGAT TAACTTTGTA GAC 12173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 311:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1316 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 311:

CAACATTAAT ATTGATATTA AATCTTCCTG GATAACGTGC TTGTTGAGT GATAAGTATG 60  
 CACGCACTTG ACTTAACTCT TTATCTAAAG TAATCGTATG TTGCTTAGAG CCTTGTAAT 120  
 TCGCTCTGAA AAAATAACTC AATTCTAATA GTAACCTCG TGCCTTTTCG CTATTTATTC 180  
 TAACTAAAGC TGAGATCGTG TTAATTGAAT TGAAGAAAAA ATGTGGACTC ACTTGTGCCT 240  
 GTAATGACTT AATCTCAGCA TCTTTCAATA ACTTACTTTG CGTTTCGGCT TCACCAAGTT 300  
 CAATTTGGCT ACTAAAAATA TTTGCCAATC CTTCTGCAAG TTGACGTTCC ACAAAGTTA 360  
 AATCATTAGG GTTTGTAATA TACATCTTCA ATGTACCGAC GATAGAACCA TGCATCTCAA 420  
 GTGGTATCAC GATAGCTGCT CTAAGCGGGC AATTCGGATG ACTACAACCA ATCTCTTCTT 480  
 TAGTATGAAC TTCTTTCAAC TTTCTGATT TCAATACATC TTTAGACAGA CTTGTTAATA 540  
 TTTCAATTTGT TGGTATGTGA TGATCACTAC CTGCACCTAC ATGCGATAAG ATTCATTTT 600  
 TGCTTGTAAT TGCTACGGCA GATACTTTCA TTAAATTTTT AATAATCATC GCAATTTGCT 660  
 GTGCCGATTC TCTATTCAAT CCTTCTTTAA AATACGGCAA TGTCTGGTTC ATCAATTGCA 720  
 GTAATCATG TGTTTGAACA GCCTTCATTT GCTCCTCTTG CTTTAATGTT GAAATGATAA 780  
 TAGACATAAA AATCGCCGTA CCAACGCTAT TAACAATAAT CATTGGTAGT GCAATTAATG 840  
 ATATGAGGTC AACCGCATAT GCTTTGTGCT GGGAAAATGT TAAAATGCTC AACATTTGAA 900  
 TCATTTCCAT AACAATTCCA ATCATGGCAC TTTTCGCAAT ACTCGGGTAA CGCTTGCCTC 960  
 TTTGAGCTTG TAAGCCAAAA TAACCAGCAA TTATACCAAT AAATATAGAT GAGATAAGAT 1020  
 AAATTTGTGC ATCCGCCCCA CCCATATACA CTCTGAAAAT ACCTGAAATA ACGCCAACAA 1080  
 ATAGACCTAC AAAAGGGCCA CCAACTAATC CTGCGACACC TATCGTTAAT ACACGTGTGT 1140  
 TAGCTAAAGA TACATCATCA TCTAAACGGA AGTACACACT TCCTGACAAA CTATGTTGAT 1200  
 GATCGATGAC GATACCAGTT AAATTAGACA TTAAGGCAAA CAACTGAAA ATAATACATA 1260

	AGGCAACGAC CAATATGAGT CAACCTGCAC AACCAAAATC GTCAACGAAT GCAGATCAAG	10320
	CGTCAAGCCA ACCAGCTCAT GAAACAAATT CTAATGGTAA TACTAACGAT AAAACGAATG	10380
5	AGTCAAGTAA TCAGTCGGAT GTTAATCAAC AGTATCCACC AGCAGATGAA TCACTACAAG	10440
	ATGCAATTAA AAACCCGGCT ATCATCGATA AaGAACATAC AGCTGATAAT TGGCGACCAA	10500
10	TTGATTTTCA AATGAAAAAT GATAAAGGTG AAAGACAGTT CTATCATTAT GCTAGTACTG	10560
	TTGAACCAGC AACTGTCATT TTTACAAAAA CAGGACCAAT AATTGAATTA GGTTTAAAGA	10620
	CAGCTTCAAC ATGGAAGAAA TTTGAAGTTT ATGAAGGTGA CAAAAAGTTA CCAGTCGAAT	10680
15	TAGTATCATA TGATTCTGAT AAAGATTATG CCTATATTCG TTTCCCAGTA TCTAATGGTA	10740
	CGAGAGAAGT TAAAATTGTG TCATCTATTG AATATGGTGA GAACATCCAT GAAGACTATG	10800
	ATTATACGCT AATGGTCTTT GCACAGCCTA TTACTAATAA CCCAGACGAC TATGTGGATG	10860
20	AAGAAACATA CAATTTACAA AAATTATTAG CTCCGTATCA CAAAGCTAAA ACGTTAGAAA	10920
	GACAAGTTTA TGAATTAGAA AAATTACAAG AGAAATTGCC AGAAAAATAT AAGGCGGAAT	10980
	ATAAAAAGAA ATTAGATCAA ACTAGAGTAG AGTTAGCTGA TCAAGTTAAA TCAGCAGTGA	11040
25	CGGAATTTGA AAATGTTACA CCTACAAATG ATCAATTAAC AGATTTACAA GAAGCGCATT	11100
	TTGTTGTTTT TGAAAGTGAA GAAATAGTG AGTCAGTTAT GGACGGCTTT GTTGAACATC	11160
	CATTCTATAC AGCAACTTTA AATGGTCAAA AATATGTAGT GATGAAAACA AAGGATGACA	11220
30	GTTACTGGAA AGATTTAATT GTAGAAGGTA AACGTGTCAC TACTGTTTCT AAAGATCCTA	11280
	AAAATAATTC TAGAACGCTG ATTTTCCCAT ATATACCTGA CAAAGCAGTT TACAATGCGA	11340
35	TTGTTAAAGT CGTTGTGGCA AACATTGGTT ATGAAGGTCA ATATCATGTC AGAATTATAA	11400
	ATCAGGATAT CAATACAAAA GATGATGATA CATCACAAAA TAACACGAGT GAACCGCTAA	11460
	ATGTACAAAC AGGACAAGAA GGTAAGGTTG CTGATACAGA TGTAGCTGAA AATAGCAGCA	11520
40	CTGCAACAAA TCCTAAAGAT GCGTCTGATA AAGCAGATGT GATAGAACCA GAGTCTGACG	11580
	TGGTTAAAGA TGCTGATAAT AATATTGATA AAGATGTGCA ACATGATGTT GATCATTAT	11640
	CCGATATGTC GGATAATAAT CACTTCGATA AATATGATTT AAAAGAAATG GATACTCAAA	11700
45	TTGCCAAAGA TACTGATAGA AATGTGGATA AAGATGCCGA TAATAGCGTT GGTATGTCAT	11760
	CTAATGTCGA TACTGATAAA GACTCTAATA AAAATAAAGA CAAAGTCATA CAGCTGAATC	11820
	ATATTGCCGA TAAAAATAAT CATACTGGAA AAGCAGCAAA GCTTGACGTA GTGAAACAAA	11880
50	ATTATAATAA TACAGACAAA GTTACTGACA AAAAAACAAC TGAACATCTG CCGAGTGATA	11940
	TTCATAAAAC TGTAGATAAA ACAGTGAAAA CAAAAGAAAA AGCCGGCACA CCATCGAAAG	12000

55

	GTGTAGCGAA AGATAATTTA AAAGAAGAAA ATGTAGAAGC AGTAAAAGCA GGAATTGTTA	8520
	ATTTAGAGCG TCATGTTAAT AATATTAAAA AATTCGGTGT AGAACCGGTT GTTGCAATTA	8580
5	ATGCATTTAT ACATGATACC GATGCAGAAG TAGAATATGT AAAATCTTGG GCTAAAGAAA	8640
	ATAACGTACG AATTGCCTTA ACTGAAGTTT GGGAAAAAGG TGGTAAAGGT GGC GTTGACT	8700
10	TAGCAAATGA AGTATTAGAA GTCATTGATC AACCTAATTC ATTTAAACCT TTATATGAAT	8760
	TAGAATTACC ATTAGAGCAA AAGATTGAAA AGATTGTGAC TGAAATCTAT GGCGGTTCAA	8820
	AAGTAACGTT TAGCAGTAAA GCGCAAAAAC AATTAAAAACA ATTTAAAGAA AATGGTTGGG	8880
15	ATAATTACCC AGTATGTATG GCGAAAACAC AATATTCATT CTCAGATGAT CAAACGTTGT	8940
	TAGGTGCACC ATCAGGATTT GAAATTACAA TTCGTGAATT AGAAGCGAAA ACAGGTGCAG	9000
	GATTTATCGT AGCGTTGACA GGTGCAATCA TGACTATGCC TGGTTTACCT AAAAAACCAG	9060
20	CAGCATTAAA CATGGATGTT ACTGATGATG GTCATGCAAT TGGGTTATTC TAATAAATCA	9120
	TGTCAATTGT TTAATAAAGA TAAGTAAATA GTTTAATAGA CCGGACTGTT GGAGATGCAT	9180
	TATTTACGCA GTTCGGTTTT TTGCTGTGCT AAAAATAGAT TCAATTTGGC GAATCTAACG	9240
25	ACAATGTTTG AAGGTGGTTA ATTAATGTAT ATGAAGATAA AAAGTGGGCT TGAAGAATAG	9300
	GAAAGCGATG CAATGAATAT TCCATATTAA AAAAAATTAA TAAAATAGGT TGCAATATTT	9360
	AATTGGGATG CGCTACAATT AACACTAATA ATTGATATTG ATAATTATTA TCAATTAAAT	9420
30	ATAATCTTAT AGGAGTTGTT AACCAACATGA ACAAACATCA CCCAAAATTA AGGTCTTTCT	9480
	ATTCTATTAG AAAATCAACT CTAGGCGTTG CATCGGTCAT TGTCAGTACA CTATTTTAA	9540
35	TTACTTCTCA ACATCAAGCA CAAGCAGCAG AAAATACAAA TACTTCAGAT AAAATCTCGG	9600
	AAAATCAAAA TAATAATGCA ACTACAACCTC AGCCACCTAA GGATACAAAT CAAACACAAC	9660
	CTGCTACGCA ACCAGCAAAC ACTGCGAAAA ACTATCCTGC AGCGGATGAA TCACTTAAAG	9720
40	ATGCAATTAA AGATCCTGCA TTAGAAAATA AAGAACATGA TATAGGTCCA AGAGAACAAG	9780
	TCAATTTCCA GTTATTAGAT AAAAACAATG AAACGCAGTA CTATCACTTT TTCAGCATCA	9840
	AAGATCCAGC AGATGTGTAT TACACTAAAA AGAAAGCAGA AGTTGAATTA GACATCAATA	9900
45	CTGCTTCAAC ATGGAAGAAG TTTGAAGTCT ATGAAAACAA TCAAAAATTG CCAGTGAGAC	9960
	TTGTATCATA TAGTCCTGTA CCAGAAGACC ATGCCTATAT TCGATTCCCA GTTTCAGATG	10020
	GCACACAAGA ATTGAAAATT GTTTCCTTCGA CTCAAATTGA TGATGGAGAA GAAACAAATT	10080
50	ATGATTATAC TAAATTAGTA TTTGCTAAAC CTATTTATAA CGATCCTTCA CTTGTAAAAT	10140
	CAGATACAAA TGATGCAGTA GTAACGAATG ATCAATCAAG TTCAGTCGCA AGTAATCAAA	10200

55

	TGATGTAATT ATGACAGCTG GTGAACGAGT TGGACCATT T GAGGTTGAGT CTAAATTGGT	6720
5	TGAACACGAA GCAGTTGCCG AAGCAGGAAT TATTGGTAAA CCTGATCCGG TTCGCGGTGA	6780
	AATAATTAAG GCGTTTGTG CACTGAGAAA AGGATATGAA CCAACAGACG AATTAAAAAGA	6840
	AGAAATTCGT ATATTTGTGA AAGAAGGTTT GTCGGCACAT GCAGCACCAC GTGAAATCGA	6900
10	ATTTAAAGAT AAATTACCTA AAACACGGTC AGGTAAAATT ATGAGACGTG TATTTAAAGC	6960
	TTGGGAATTA AATTTAGATG CTGGGGATTT AAGTACAATG GAATAATGAC ATGAATGTGA	7020
	TTGAAGATTT TTTTCGAAGA ATAAAGGGTG ACAACATATT TCATGTCAAT GTTTAAATAA	7080
15	TCGTTTACTT TACGATAAGC AATATAAAGA ACTGTAACT TGTGTCATAT CATTTCTAG	7140
	AAAGCATTG AAAATGATGA CATAACAATA ATGGCATATC TTTATATTGC TTTTATTTT	7200
	TAATATGATC TTTGGAAGAT GATTATTTTA AATAATAGAA AAATATAGTT ATCAATAGTA	7260
20	TCAAGCGCTA AAAGTTGTAT AATACAAAAC TTTAATAAGT GAATTTATTG CAAAATGAA	7320
	AGCGCTAACC CGATTTAGTC GACAAGTTT TAACAGTTCTG TTATTATATG AATGTAAGTA	7380
25	AAAATTTCTT AGCTACAAC TACATATTAT AAATGCATAA ATTAAACAAA AAGGGGCGAA	7440
	AAAAGTTGAC TCATTTATCA GATTTAGATA TTGCGAATCA ATCAACACTA CAACCAATTA	7500
	AGGATATTGC TGCATCAGTA GGTATTTTCTG AGGATGCATT AGAACCTTAT GGTCATTACA	7560
30	AAGCTAAAAT CGACATTAAT AAAATTACGC CAAGAGAAAA CAAAGGGAAA GTTGTTTTAG	7620
	TAAGTGCAT GAGCCCAACA CCAGCTGGTG AAGGTAAATC AACGGTTACA GTTGGTTTAG	7680
	CTGATGCATT CCATGAGTTA AATAAAAACG TTATGGTTGC ATTAAGAGAG CCTGCTTTAG	7740
35	GACCAACATT TGGTATCAAA GGTGGTGCGA CTGGTGGTGG TTATGCGCAA GTCTTACCTA	7800
	TGGAAGATAT CAACCTACAT TTCAACGGAG ATTTCCATGC GATTACAAC T GCAAATAATG	7860
	CATTGTCTGC GTTTATCGAT AATCATATTC ACCAAGGTAA CGAATTAGGA ATCGATCAAA	7920
40	GACGTATTGA GTGGAAACGT GTATTAGATA TGAATGATCG TGCACCTAGA CATGTAAACG	7980
	TTGGGTTAGG TGGACCTACA AATGGTGTAC CACGTGAAGA TGGCTTTAAT ATTACAGTAG	8040
45	CGTCTGAAAT TATGGCGATT TTATGTTTAA GTAGAAGTAT TAAAGACTTA AAAGATAAAA	8100
	TTAGTCGTAT TACTATTGGT TACACTAGAG ATCGCAAGCC AGTTACAGTT GCAGATTTAA	8160
	AAGTGGAAGG TGCATTGCA ATGATTTTAA AAGATGCAAT AAAACCAAAC TTAGTACAAT	8220
50	CAATTGAAGG GACACCTGCA TTAGTTCATG GTGGACCATT TCGGAATATC GCACACGGTT	8280
	GTAAGTCAAT TTTAGCAACT GAAACAGCAC GTGATTTAGC TGATATCGTT GTAACGGAAG	8340
55	CTGGATTTGG TTCAGACTTA GGCCTGAAA AATTCATGGA CATTAAAGCG CGTGAAGCAG	8400

TACCTGTAGA CCAGCGCTCA ATTTTCATCAG GATAGTGGAA AGTGACATAA CCCACAATGA 4920  
 GTTGATCTTG GCGAGCAACA TAAATTCTAC CTTCTGGTAA TGTGTGAATT TCTAACAAAG 4980  
 5 CTTTATACTG ATCTTCAGCA TCTCTAAATG CGGTAAATG CGCATCGAAA GTAAGCGCTT 5040  
 TCAAATCTtC GTGTGTTAAA GGACCTTCAA TAACAAATTG CTTGTCATGA ATGTAATAAT 5100  
 CTTCGGATTG ATACGTCTTT AAATGATTCA TATTTTCAAC TCCTCAATCG ACGTCGTGAT 5160  
 10 TGTATTAAAT TCATTATATA GAAaATTTAC AATAATTAAT ACTAGAAAAA GGATAAAAGT 5220  
 AAAAAATTTTG AATAATTAGA AATGTTATGT ATAATATTGA GAAAGAAAGC GTTTTCACAT 5280  
 AACAAAGGGG GAGTTTCAAA TGAAAGTCGA AGTTTATAAA GGAGCGCAAG GTAAACATAA 5340  
 15 CCTTAAAGAT TATGAAGAAA CATATAATAC TTTTGATTGG AAAGACGTAG AACAGCATT 5400  
 TTCTTGAGT GAAACTGGAA AAATGAACAT GGCATATGAA TGCATAGATC GCCATGTAGA 5460  
 20 TCAAGGATTA GGGGATAAAA TAGCGTTAAA TTACAAAGAT GAGCACAGAA AAGAATCGTA 5520  
 TACTTATAAA GATATGCAAC GGTTATCTAA TAAAGCAGCG AATGTTTTGT CTGAACATGC 5580  
 AGAAGTTGAC AAAGGTGACA GAGTATTTAT ATTTATGTCG CGTACACCTG AACTATATTT 5640  
 25 TGC GTTGTTA GGTGTTTTAA AAATTGGTGC AATTGTTGGG CCGTTATTTG AAGCATTAT 5700  
 GGAAAAGGCA GTTGCGGATA GATTAGAGAA CAGTGAAGCT AAAGTGTTAA TTACTAATAA 5760  
 GGCATTGTTA CCTCGAGTAC CTGTAGATAA ATTACCAAAC TTGAAAAAAA TTGTTGTCGT 5820  
 30 AGATGAGGAT GTAGAAGACA ATTACATAGA CTTCATTAGT TTGATGGAAA CTGCTAGCGA 5880  
 TGAATTTGAC ATTGAATGGT TAAAGTCGGA TGATGGTTTG ATTTTACATT ATACATCAGG 5940  
 35 TTCTACTGGG CAACCTAAAG GtGTATTGCA TGTTCAACAA GCAATGTTAG TGCACTATAT 6000  
 TTCTGGAAAA TATGTATTAG ATTTACAAGA AGATGATGTT TATTGGTGTA CAGCAGATCC 6060  
 AGGTtGGGTT aCAGGAACAT CTTATGGTAT TTTTGCACCA TGGTTAAATG GCGCTACAAA 6120  
 40 TTGTATAGCT GGTGGTCGCT TTTCGCCAGA ACAGTGGTAT AGTATGATTG AAGATTTTAA 6180  
 AGTGACGATT TGGTATACGG CACCAACAGC TTTAAGAATG TTAATGAGTG CTGGTGACGA 6240  
 TATTGTTGAG AAATATGACT TGTCATCGTT ACGTTCGATT CTATCAGTAG GTGAGCCTTT 6300  
 45 AAATCCTGAA GTTATAAAAT GGGCGAAAAA AGTATACGGT TTAACGGTGT TAGATACTTG 6360  
 GTGGATGACA GAAACAGGTG GACATATGAT TGTTAACTAT CCAACGATGG ACGTcAAGCT 6420  
 TGGCTCAATG GGCAAACCAT TACCTGGTAT TCAAGCTGCA ATTATCGATG ATGCAGGGAA 6480  
 50 TGAATTACCA CCAAATCGAA TGGGCAACCT TGCTATAAAA AAAGGCTGGC CATCAATGAT 6540  
 GTATCGTATC TGGAAGAATC CAGAAAAATA TAAATCATAT TTTATTGGAG ACTGGTATGT 6600

55



	CCACAAC TTT CTAGTGT TAT TCAACC ATTA TATGAT ATCG GTGCAG TAGG GATGCG CTTA	3120
	TTAACAAA AT ATATGA ACGA TGAAAAG ATA GAAGAACCAA ATGTAG TTTT ACCTCACAGA	3180
5	ATTGAATACC GAGGAACTAC AAAATAAATT CACAAAATTA GGCATT CATC TAACGACCCA	3240
	AATTATATGG GTGTTGGAAG AATGCCTTTT ATTTATCTTT TAAAATCGTT GCAGATTAGG	3300
10	TTACTTATTG ACGAGTAGAT TCGTACCAAC TCGCTATATG TAAAGCTAAT TTTTTATTTT	3360
	TTTCACTAAT TTCTTTTGTG CGGGGGACAT AGGTATAATC ATTTAAACGA TCTTCCCATC	3420
	TTTTAGGTAA TAATTCAGAT GAATAATGTT TCCATTTATT AATCCATTCT AACGGTAAAT	3480
15	AACCACTTTG AATTGGTTGA TCAATTAAAC TTAAGAATAC ATGACTCCAT GCACGTGGTA	3540
	CGACTCTCCA AATATTGTAG CCTCCGCCAC CAAACATAAT TACCTTTCCA TTCGTATAAG	3600
	AATCAGCTAA ATATTTTACA AAATATGGAA TTTCATATAA TGAATGTAAC GTACAATTTA	3660
20	GATGAGTTAG TGGATCACGA TAATGTATAT CGACACCATT TACGCTTAGA ATAATATCAG	3720
	GTTTAAAACT CTTTACGACA GGCTCAACTG TTAATTTAAA AACTCCAAA AATGATGCAT	3780
	CTTCTGTATA CGGTTCAAGT GGGACATTTA CAGTGTGTCC ATAGCCGATA TCTTCACCGC	3840
25	GCTCAGTATA GTGACCAGAG CCTGGGAAAA GAAATTTTCC GGTTTCATGG ATAGAATAAG	3900
	TAGTAACATG GTTATCGGCA TAGAACTCC ATTGTGTACC ATCTCCATGA TGTGCATCGG	3960
	TATCTATGAT TAAAACGCGT TGATTGTATT CTTTAGCTAA GTATTGTGCG GTAATTGCAA	4020
30	TATCATTGTA TATACAAAAA CCACTTGCTC GACCAGGTTG AGCGTGATGC AAACCACCAC	4080
	CTAAGTGACA ACCATTTAAT ACTTTGCCTG ACATAATAAG ATCTGCTAAA GTTAAAGCGC	4140
35	CTCCAACAAT TGTGGCACTA TGGCGGTGCA TATGCTTAAA TTGACCATT CTTTCATCAT	4200
	TTAATCCATA TTTCTTAGCC TCATCTTCAC TGATAATGCC ATGTGAAGCA TGCTTAATAG	4260
	CTTGGACGTA ATCATATTTA TGAATTAACA TTAATTCGTC ATCTGTTGCA ATTCTAGGTT	4320
40	GTACTATTTG TTCTGGAGAC AATAAATTTG CATTCAAAAG TAGCTCTGTT GTTAATTTTA	4380
	AACGCATTTG ATTGAAGGGA TGTTGGTCAT GAAATCGATA TTGTAATAAC TTATCTGAAT	4440
	AAACATATGC AGTTTTTGAT GAATGTTGTT GCATATAATC CCTCCGATAT TCCAAAAATT	4500
45	AAAAGAAAAA CCGATTCATA TAACGAATAT CATCAAACGC TTGTTGCTGT TCTAATGTAA	4560
	TGTTTTTGCC AATTCTTGCC ATTAAACAAT TAGCTGGATG ACTTGTTATT TCTGGATCAT	4620
50	CTGTAGCGAA TATTTCAAGT CCACCAGTTG CCATTAACCG CTGCATTAAT TTTTTATAGT	4680
	CAAATACATC TAACTTTGAA TTTTTTAAAT CCAATGCCA GTAATATTCT GTAGTTATAA	4740
	CGATATAATT CTCGAATTCT GGTGTAGAAA GGCTAAGTTG TATCAGCTTT TCTGCAAGTT	4800

55

	AAAAGCCTAT TCTATTAAAA CGTGGTTTAT CTGCTACAAT CGAAGAGTTT GTTTATGCAG	1320
	CTGAATACAT TGCTTCACAA GGTAATCAAA ACATTATTTT ATGTGAACGT GGAATCCGAA	1380
5	CTTATGAAAA GGCGACACGT AACACTTTAG ATATTTTCAGC AGTACCAATT TAAAAACAAG	1440
	GTACACACTT ACCAGTCATG GTAGATGTTA CGCATAGTAC AGGTCGTAAA GATATCATGT	1500
	TACCAACTGC GAArSAgCAT TAGCAGTTGG TGCTGATGGA GTTATGGCTG AGGTGCATCC	1560
10	AGATCCATCT GTTGCACTTA GTGATGCGGG TCAACAAATG GATTTAGATG AATTCCAAGC	1620
	ATTTTATGAT GAATTAAAGC CTTTAGCTGA TTTATATAAC GCTAAAAAGT TAAAAATAATA	1680
15	TTCCAAGGAA ACTATAGACT ACTTAACTAA TATGTCATGT TGAAGTAGAA TATTATCTTT	1740
	GAATCGACAA TTTTAAACTT ACAGCCATTC TAAGAGTATA TTACTTTTAG AGTGGCTATT	1800
	ATTTTTTGTA TAGAAATAAA GGTATACTGC ACTTAAACGAT TGTTATAATA CTTCGACACT	1860
20	TGTTCAATTT CACAATTATT AAAGATTATG ACTGATAGCA GTAATTAAAA TTATAACTAT	1920
	GAATTATCTG TAAAATATAA TAGATTCACA CATTGTGTGC TGAAATGTGA ACATTTTTC	1980
	ACAAATGCAA TTGATATTTG AAAAGGCTTT CTCAAAACAT TACAATTAAA AATGAAAAAA	2040
25	GTTTATATAA AATTAAAAATA TATCGTTCGT TATCATTTAG CGTTTGTTTT TATTTCAAGC	2100
	TTTTCGCTAA ATTTTCCAA ACAAAAATAT GTTACTGTAA ATTAAAATAT GGTAAACTAT	2160
	GAAATGAAA TGAAAACATG TTATTATAAT GAATAAAACG TTTACAAGGA GGAAATTATG	2220
30	ACAGTTACTA TATATGATGT AGCAAGAGAA GCGCGTGTCT CTATGGCCAC AGTGTGCGGT	2280
	GTTGTTAATG GGAACCAAAA TGTTAAAGCA GAAACTAAAA ATAAAGTTAA CGAAGTCATT	2340
35	AAGCGTTTGA ATTATCGTCC AAATGCTGTT GCTAGAGGTT TAGCTAGTAA AAAGACAACA	2400
	ACAGTAGGTG TGATCATTC CAGATATATCT AATATCTATT ATTCACAACCT TGCTCGTGGA	2460
	CTTGAAAGATA TTGCAACAAT GTATAAATAT CACTCAATTA TTTCAAATTC AGATAACGAT	2520
40	CCTGAAAAGG AAAAAGAAAT TTTTAATAAC TTATTAAGTA AACAGGTTGA TGGTATTATT	2580
	TTCCTTGGTG GTACAATTAC TGAAGAAATG AAAGAATTGA TAAATCAATC ATCTGTACCT	2640
	GTAGTAGTAT CAGGAACAAA TGGTAAGGAT GCACATATAG CATCAGTTAA TATTGATTTT	2700
45	ACTGAAGCTG CGAAAGAAAT TACGGGAGAA TTAATTGAAA AAGGCGCTAA ATCATTTGCT	2760
	TTAGTAGGTG GAGAACATTC TAAAAAAGCT CAAGAAGATG TTTTAGAAGG TTAACTGAA	2820
	GTGTTAAATA AAAATGGCCT TCAATTAGGT GATACATTGA ATTGTTCTGG TGCTGAAAGT	2880
50	TATAAAGAAG GCGTAAAAGC TTTTGCCAAA ATGAAAGGCA ATTTGCCAGA TGCCATTTTA	2940
	TGTATCAGCG ACGAAGAAGC AATTGGTATT ATGCATAGTG CAATGGATGC TGGTATTAAA	3000

55

AATATAATCT TCAAGTATTG TTAAAGTCTC AGTATCTAAA TCATTTGTCG GTTCATCTAA 600  
 CAACAGAACA TTGGCTGGT GTACGAGTAG ACGTAATAAA TACAAACGCT TTTGCTCTCC 660  
 ACCAGATA 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 310:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 12173 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 310:

CATCAGTTTA TTTTGAAAGG CAATGCGATC ATTTTCATGTA TTTATGTTGT TTGAAACATC 60  
 GTTAGATAAC AATAGTGATA TTGCACATTT TAAGCTGAAG ATGGAAAAAT ATTCGATAAT 120  
 CAAATAAACA ATGAATTTTA GAAGGTACAA TGACGTTTCA TAATTTAAAT ATAGCTGAAT 180  
 GTGTTGGTGA GTGATGTTCA CTATAGATTT ATATTAATAT ACAAAGACAA AGGTTGTAA 240  
 TTTTTATTAA GCGTTAGGTT GAATGTATGA GAATTTTGA TTTATAATAG AAGATAGAAA 300  
 CGAAAATTTT TCTTAAAAGC AGTAATGTTG ACTCAAAATA AGCTATAATA ATGACACTTA 360  
 TTTAATTGAT TAACATTTGC TAATAAATAT CAATATAGAA TATAACTTTC CAATAATGAC 420  
 TGAGAAAATC GAAATGTCAG TCTCGAATCA TATAATTAGA AAATTGATTA TTTTCTGTCA 480  
 ATTTAGGGTT GAACTATACA TATGATATTG TTAGAATATT TTTTAACATT ATATTTTATT 540  
 GCITTTAAAGT GGAATATACT TGAAATAATT AGTAGAGGTG AGTAAGGATG AGTAATAAAT 600  
 TAGAATCATA CAGAAGTGAG ATTGTATCAC TGAATCATCA AATTTTAGAC TTATTATCTA 660  
 AACGTGGTGA ACTAGCACAA AAAATTGGGG AAGAAAAATT AAAACAAGGT ACACGTATTT 720  
 ATGATCCACA ACGTGAAAAA GAAATGCTTA ACGACTTAAT CGATAGTAAC AAAGGACCAT 780  
 TCAACGATAA TACTATTAAG CAATTATTTA AAGAAATTTT CAAAGCCTCT ACAGATTAC 840  
 AAAAATCTGA AAATGAAAAA CATTTATATG TATCACGTAA GTTGAAACCT GAAGATACGA 900  
 TTGTAACATT TGATAATGGG GGCATTATAG GAGACGGCAA TAAATCATTT GTATTTGGGC 960  
 CATGTTCACT TGAATCATTT GAACAAGTTG AAGCTGTTGC TAAAACTTA CATGCTAAAG 1020  
 GTGAAAAATT TATTCGTGGC GGTGCATTTA AACCACGTAC ATCACCATAT GATTCCAAG 1080  
 GCCTAGGTGT TGAAGGACTT AAAATACTTA AACAGATTAA AGATAAATAT GATTAAATG 1140  
 TTGTCAGCGA AATCGTAAAT CCAAATGATT TTGAAGTGGC TGATGAGTAT TTAGACGTAT 1200

TCACTTCTAC TTCAAGTAAC GATAAATTAA GTAGACGTTT CCAAAAATTA TTATTATTAC 1740  
 ACACATCTGC CCAAGGGATT TATTCTGAAC TGTTAGAGTT GAACGCTAAA CAAATTCGAC 1800  
 5 CATTGCCAGA TGAGTTAATT GAAATGATGG ATCATATCAT TGCACAACTA GATAATAGTG 1860  
 AGGAAAATGT AAGATATTGG CGAAAAGAAG TGACAGTAAC AGAGGAATTT CAAAATTTAT 1920  
 TCAACCATAT ATTGAAAATT GATGAAATGG TGCATGCAAA TGAAGCGCGT ATTGCGTATG 1980  
 10 AAGCAGACAT GCGAAAACCT TTATATAGTA AACGCATTTA TCaAAATTTA ACaTTAGACT 2040  
 CtATkGTTTT TAGAAATACA TTGAGATATA CAGCGATTAT GATGATAGCG ATATTTATTG 2100  
 CGTTAATGTT TGATTTTGAA AAAGCATACT GGATACCGTT ATCTGCACAT ACAATATTAC 2160  
 15 TAGGAACATC AACTATACAT GCAATCGAGA GAGGTATGGC ACGAGGTTTA GGTACTATTT 2220  
 TAGGTGTGTT AGTACTTTCA GTCATATTGT TGTTTTCAAT ACCAACACCT GTTGCACTAA 2280  
 TTTTAATGGG CATTGCAGCA TTGTTTACTG AAGCATTGGT GGGAGCAAAT TATGCGATTG 2340  
 20 CAGTAGTTTT TATTACAATA CAAGTTATTT TAATGAACGG ATTAGCATCA CAGAATTTAA 2400  
 CAATTAACAT TCGTTTTCCA AGAGTTATTG ACGTTGCAAT GGGTATTGTG ATTGCAATCA 2460  
 TAGGTTTTATT TGTCCTTGGA CAACGTACCG CATCCGCATT GCTTCCTAAT GTAATGGCTG 2520  
 25 AAGTTGTTCG TAAAGAAGCA ACGCTCTTTC ATTATTTATT TTCTGAAAAT CAATAT 2576

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 309:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 668 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 309:

40 CAAGCACATT ACGATGGTCT AATACTTTGC TAATAATTTT TTCTTGTCTT GGTCGAAACG 60  
 TTTCATACCC AAAGTAATGC GATAATGTTT GTTGATCAT AAATTGACCC CTTATTGTTG 120  
 TTCTTTAATT TCTTCTAACT CACTCCATCT TGTGATGTCT AAATCATATT GAATTTCAAG 180  
 45 TTGTTCTTTT TCTTCGTTTA ATTCTTTAAT TTTCCATAA TCTGCACTTG CCTCAATCAT 240  
 GAGCACATCA ATTTCTTCCA TTCTTACTTC CGCTTGTCT ATGCGTTTCA TCAATTGTTC 300  
 ATATTCTAAT TTTCTTTTAT ATGATAAACC ATTTTCTTGA CGTACAGTTG TAGAAGATT 360  
 50 AGATTGTTGC TTCAATGTGG ATTTATTTTT ATCTAATGAT TTTTATAAC TTTTATAATC 420  
 TTCAAAAGTT CCGATAATCT TTTCCATCTG ACCATCATGA ATAAACCAAT ATGACTGTGC 480

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 308:

5	GATATCGTAs	CTACTGAAAA	GTCATCACCA	CCATGGAATG	ATTTCTTTAA	ACGTTTTTAGC	60
	TTCTATGCAA	TTGCAATTCA	ATACTTTGTT	GTACAATTTA	TCATTACATT	ATTCTTAATT	120
10	TGGTTACCGA	CGTATTTAAC	AGAAGTATTC	CACGTTAACT	TTAAAGAAAT	GAGCATTAGT	180
	TCATTACCTT	GGTTATTAAT	GTTCTTCTTA	ATCTTATCAG	CAGGTGCAAT	TTCTGACCGT	240
	GTATTAGGAT	TAGGTCGTTT	AAAATTCGTA	GCTAGAGGTG	TAATTGCAAT	TGCAGGATTT	300
15	ATTGTGTTTG	CAGTTTCAAT	TATCTTTGCT	GTACGCACAG	GAAATTTATA	TGTAAGTATT	360
	TTCTGGTTAT	CACTAGGTCT	TGGTGGTATC	GGTATTTCAA	TGGGTATGAG	TTGGGCTGCA	420
	GCAACTGACT	TAGGACGTAA	CTTCTCTGGT	ACAGTATCAG	GGTGGATGAA	CTTATGGGGT	480
20	AATATAGGTG	CATTAATCAG	TCCGCTATTA	GCAGGTCTAT	TCGTAGAACA	TTTGGGTTGG	540
	ACAATGACAT	TCCAATTGTT	AATCGTTCCA	GCAGTAATCG	CTGTGATTAT	GTGGTTCTAT	600
	GTGAAACCAG	ATCAACCTTT	AATTGTTAGT	GATGATAAAG	CAATAGAAAA	ATAATTTAAA	660
25	CAAGCAGTAA	GCTTTCACAT	AGTTGGGGCT	TATTGCTTTT	TTTGCGTTGA	AATTGAAACT	720
	TTTTAAAACA	GATATGGTTT	AAGATGAAAA	TGAAGTTATT	GAAATGATAT	ATGTAAAGAA	780
	ATAAGGTTTT	AAAACATTAG	TCAGGTAACG	CTTGTAaAAAG	TACATATAAA	TTTTAACTAG	840
30	CGCAAAGGTG	GGCGACCAAA	GtTcaACGAT	GTTAAATAAC	aTTAGrAATT	AATTTTAATT	900
	GGACTTTAAA	AGTTTTTTAAA	TTTAGATAAT	TGAGCATAAG	GTGTTATAAT	GACATATGTT	960
35	GCGTAATTAA	AATTTATAGC	AACAAATTCA	TTTTAACTAT	GCTAATAAAA	AGATTATGGA	1020
	AATATTTTGA	CAAGGAAAGG	AGAAGTCGAA	ATGACATCTT	TTTGACATCA	CTCATAAAAA	1080
	TCAATCGACT	TAACTTAGAC	TTTTATAAAG	GTGTAAGACA	GGGACTGTTA	ATGATTATTC	1140
40	CTGCAATAAT	CGGTTACTTA	TGTGGTAATT	TCCAATTTGG	ATTATTAGTT	GCAACCGGAA	1200
	CACTAGCCCA	TATTTATGTT	TTTAAAGGTC	CGTCGCGATC	TAAGCTGCGA	ACTGTAATAA	1260
	TTTGTAATTT	AGCGTTTGCA	ATATGTATGA	TGCTTGGTAC	GCTAACAGCC	AAAACGCCAC	1320
45	TCGTTTTTGG	AATGACATTA	TTAATTGTTA	CGGTTATACC	ATTTTATATA	TTTACTGCCT	1380
	TAAAAATAGC	TGGACCGTCA	TCGACATTCT	TCATTGTGAC	ATTCAGTCTA	CCCATTAACT	1440
50	TACCTATAGC	TCCCGAAGAA	GCATTATATA	GAGGCTTTGC	GATTTTAGTA	GGCGGTATAC	1500
	TTGCCACTAT	GATGGTGTTA	ATCACGATCG	TATTTTCTAA	AAACAAAGCT	GAAGAACAAG	1560
	CAATTCAAAA	TGATTTTAAA	CTCATATCTA	AGTTGTTACA	CACTTATAAT	GATAAATCTG	1620

TGCCCAATCA ATtTCTTTCT TAtCCTCAGC AgTTAATCTA CCAAATCCTT TTTGATGTGG 4680  
 AAAACGACCA TATGAACTA ATTCCCCAAC AGTTAAGCCA TCTGCTACTT CaGGTGaTTG 4740  
 5 aGGTAAaTG GctATTTTTt TGcAATCyCy TTCGTAGATt GTGtATGAAT ATTTTCACCA 4800  
 TCTAAAAATA CTTCGCCTTC TTAACTGCC AATAAACGTG ACAATGCCTT TAGCAAAGTA 4860  
 GATTTCCTCG AGCCGTTAGG ACCAATGATT GACGTCCTT TGCCATCTGG TATTTCAACA 4920  
 10 TCTAATTTAT TTATAATCGT GTTATCCCCG TAACCAATTT TAACTTGTTG TCCATGCAAA 4980  
 CGATTCATAA TTTCCCTACT TTCAATAAAA TTCTTTCTGT TTATAAAAAA TAATTTCTAT 5040  
 TTTTAAATTA TCAATTTTCA AAGACATCCC AATTGATAAT GATTATCATG AACATCATT 5100  
 15 TAACATTTTT CAATCTTATT GACTAACATT ACTTTTTAAA TTGGATAGCT CGATTTGTCA 5160  
 TGTCTTGAT ATTACTTTTA TAAATAAAA AACGCCCACA GATAAGTCTT CATAGTTCAA 5220  
 20 AAACCTGTCC GTGGACTTCT ATTTAAGTAT GTGTGCTCAT ACCATTTATT TATTCATCTG 5280  
 CAAGAAAGCC ATTACCATAG ACATCTCTTA CATCATGAAT TACGAGGAAT GCATCTTTAT 5340  
 CGATTTGTTT AATTAATCGC TTTGCTTTTG AAACCTGTGT TTTAGAAATA ACAACGTATA 5400  
 25 AGACATCTTT TTCTTCACGC GTATAATAGC CATGTCCGTT TAAAATGGTT AAACCTCTTC 5460  
 CAATTTGCTC GTCTATTGCT TTGGCAAGTT TGTCGGGATT AGTTGAAATA ATCGTCATAG 5520  
 CTTTTTTAGT GTTTAAACCT TCTATGACAT ATTCCATCAC TTTTGTTTCCT ATATAAGTG 5580  
 30 ATATTACTGT TACTAATACT TTATCAAGTG GAATAACTGT AAGTGAAATT GCAACAACGA 5640  
 TCATATCGAA GAAAAGCAAA GCATATGGCG TGCTTACATC GAGGTATTTT GTTGCAATTC 5700  
 TCGCCAAAT TGTGTACCT GCTGTTGTAC CGCCTGCAAG GATAATTACT CCGATTCCTA 5760  
 35 GTCCAACGCT TACACCACCA AAAATGGCAT TCACAATGCT GTTTCAGTT TCTACTTGCC 5820  
 ATGATTCTGT TAAACTCAA AATATTGAAA TAAGAATTGT TACAAGAATA GTTAAGTACA 5880  
 40 TACTTCTCTT ACTCAAAAAt TTATAAcCTA TGGCAATCAA TACTGCGTTG ACCAAGAAGT 5940  
 TAGTGATGGC TGGTGAAATA TGAAACGCAT AATATAAAAT AATTGCTAAA CCTGTAACCC 6000  
 CGCCTTCACC TAAGTTACCA GAAATAATAA ATGCATTTAC ACCTGCAGCA AAGATAAATG 6060  
 45 AACCTAAGAC AACTAGTATT AAATCTTTAA CCGTTTTATT CACGAAACCA TCCCCTTTAT 6120  
 ATATTTATTA GACTAT 6136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 308:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2576 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

	CCAATTGCAA TAAATAATGC GATTGCAAAT CCGCCACTGC GTTAATACCT AATATACCTG	2880
	GTTCAGCTAT TGGATTTTTT GTGACACTTT GCACTATTGC ACCACTAATA CTAAGCTGCG	2940
5	CCAGCCAAAA TAGTAATCAT CATCCGAGGT AACCTGAAAT CTAATAAGAT TAACTCATCA	3000
	ATGGCATCAC CTTGTCCAAT TAAAGTTTTG AAAAATCTTT CAACAGGTAT GTTGATTCA	3060
10	CCTGAGGTAA TACTCCAAGT ACAACCTAGA AATAGTAGAA TGCTAAAAAC AGCCAGTGCT	3120
	ATCAATTGTC TGC GTTTATT ATTTGAACTA ATCATATTGA GCGTCCTCCT TTTTAACTA	3180
	AATATAAAAA GTAAGGAACA CCGATAAATG AAATGATTGC ACCAACAGGC GCTTCTCCTA	3240
15	AATATCGTGC TATCACATCG GCAACAAGCA CGAGTATCCC ACCTAACAAG GCTGTTAATG	3300
	GTAGAATTTT AGCATAATCA GTTCCAATTA AAAATCTTGC TATATGAGGT ACCATCAAAC	3360
	CTACAAATGC AACTTGTTCA GCGATAGCAA CTGCAATACC TGCTAGAATC ATAGCAATAA	3420
20	TTAAACATAT GCCTCTGATC ATTGTTACAT TTTGACCTAA ACCTTTAGCT AATGATTCAC	3480
	CAAGATTTAA AATGGTAAGT TGT TTTACTAA TTGTTAATAT AATGAATAAC GCAATACCAA	3540
	TTAATGGAAT TGCCCACTTA AGGTGTGACC ATGTTGTGCC TGAAACGCCT CCAGCAGTCC	3600
25	AAAATGTTAC TGTTTGATTT AGTCTAAAAG CTAATGCAAT ACCTTGACTT AGCGCTGTTA	3660
	ACATAGCACT TACTGCTGCA CCCGCTAAAA TAATACGCAT CGGATTAAAT CCATCACGTC	3720
	TAGATCGGCC TATCATTAAT ACAATAGCAC CTCCTAGAAT AGCACCTAAA AATCCAGCAA	3780
30	ACATCAATAT TAAAAATGAA GTGTTTGGTA AAACCTGCATA TGTTAATGCT AAAGCAAATG	3840
	AAGCACCTGA ATTTAAACCT ATGAGCGCCG GATCAGCAAG ACCATTACGA GTAACACCTT	3900
35	GTATAATCGC ACCAGAACT GCAAGCGCCA TACCTACAAT TACTGCTGCT ATATTTCTGG	3960
	GAATCCTAAT CTCATTGATG ATGTTTTGCT GTTGATTGCT AGGATTATAA TAAAAATAG	4020
	CCTCTATAAT TG TAGAGGCT TGAATTTTGG CGTCACCTAT TAATGTAGAA ATAAATAGTG	4080
40	TGATTAGTAG TATCATACTT AAACCTATAA TATAGGATAA AAACCTCAAT GCGTTGGGT	4140
	TCTCTCTATT TGTCATGTTA ATGTGCCTTT TTATCATATT AACTTACTTA ATTAAGAATA	4200
	AGCTCTGCGA CATAAGTCAT AAGTTACCAG TAAAGGTTTT CCAGTTTTAG GATCTTTACT	4260
45	TAAAACAACA TCAATATTAA AAACCTTTTC TAATATTTCC TGTGTTAATA CGTCTTCTGT	4320
	TGAACCTGTA GCGATGATAT CCCCTTCTTT CATCGCAATA AGATGATCTG AGAAACGAAT	4380
	CGCTTGTTG ATATCATGAA GAACCATGAC AATTGTACAA CCTTGTTCTT GATTTAGCTT	4440
50	CTGAACTAAT TCTAGTATTT CTAATTGATG ACAGATATCT AAATATGTTG TTGGTTCGTC	4500
	TAAAAGATA ATATCAGTTC TTTGTGCTAA TGCCATTGCA ATCCAAACAC GTTGCTTTTG	4560

55

	ACCTTGCA TG TCTAAAGATG TCATATAATC ACCAACAAAC CATTTAGCAA CATTAACCGT	1080
	TCTTGCA GCT AAATTTTGTT GAATATATTT AGTTACGATA TTTAATTCAG ATAACGGCGT	1140
5	ACCACCCATA CCATTTACCA TTAATATGAC ATCATTGGCA GTAACCTCTT TATACAATTC	1200
	GTCTAACAAT GTTCCAACAA TATGATCAAT ATCCTTTACT TCTTCCCTAT GAATACCTTT	1260
	TTCACCATGT ATACCAATAC CGATTTCCAT TTTGTCGTCT TCAATATCAA AGCCATATTT	1320
10	TCCAGTAGTT GGAACAAGCG GTGGCTCAAT TGCCATACCA ATACTTTTAA TTTCAAGTAA	1380
	CAACGCTTCT ACACGCGATT TTATCTCTGT TAATGAATAA CCTTTTTCAG CAAGATAACC	1440
15	GGCAAGCTTA TGAACAAACA CTGTTCTGTC AACACCACGA CGTTGTACTT CGTTTGTCAC	1500
	AGCAATGTCG TCACGAACAA TAACAGTTTG AACATTTATA CCTTCCATTT CTGCAAGCTC	1560
	TTGTGCCATT TCGAAATTCA TCACGTCACC TGCATAGTTT TTTACAAC TA GTAATACACC	1620
20	ATCACCAGTA TCTACTGCTT TAATAGCTTC TAATATTTTA TCAGGTGTAG GTGATGTAAA	1680
	TACTTCGCCA CAAACCGCTG CATCTAGCAT ACCTTCTGCA ACAAACCGG CATGCGCAGG	1740
	TTCATGTCCG CTTCCACCTC CAGAGACTAT TGCTACACCA TGTTCCTTCT TAGCTTTTTT	1800
25	TACAATAACT GTATTAGCAA TCAGATCTAA CTCTGGGTGC GCAATTAACA ATCCTTCAAG	1860
	CATATCAGTT AAAAATGTTT CTTTTTTATT GATTAACCTT TTCATCATGT TGTACCTCCT	1920
	TGGTATTATC AGTCATAGTA TAAACAGAA TAAATGAATG CGCTATCATA AAGAATTAAC	1980
30	CTGATACCGT TATCAAATAT ATTTTGTATA AGATCCTCTT GATAACTTAA TGGTTCATTA	2040
	TTGAAAAAAT AAATAGTCTT GAGTGGCTCA TTAAATAAAA AATGCTATGA AAAGCCTTAT	2100
35	AATAAAGTGC CTTTCATAGC aATAAGTTGT GTCCATTGAC ACTATACATT TTTCGTTTTG	2160
	TACATTAAAT ATAAGAAATA CGGTGCACCA ATAATTGCTA CGACAATACC TGCTGGAACC	2220
	CCACCTGGTT GTAATACAAT TTTGCCAATT GTATCAGCTA TAACAAGTAA ACATGCCCCCT	2280
40	ACTAAAATGG CAATTGGTAA AAACAACCTG TGACGTGGTC CAACGATACG TTTGGCAATA	2340
	TGCGGACCCA TTAATCCGAT AAACGAAATT GAACCTGCTA cTGCTACAGC AGCAGATGAT	2400
	AACATCACTG CGATAAAGAA TAATATTAAA CGTTCTCTGC TTAACCTTAC ACCTAGACCT	2460
45	CGTGCAATAT TATCACCCGT ATGAATAATA TTTAGTGTAT TCGATTTAAA TAGTAAGTAA	2520
	GGAATAATAA TCAACACCCA CGGTAAAAAT GCAATGACAA ATGGCCATTC GTCACCCCAA	2580
50	ATATTACCTG CAAACCAAGC AGCGATGAAA TCAGATTGCT TATCATCAAA TTTTGACATA	2640
	ATTGTAATTG AGCCACCATA TAATGCTGTT TGTAACCTA CACCTATTAA TACCATACTC	2700
	GCAGGTGTAA CACCTTCATT TTTATTAAAA CTGaAAATAA AAATAATCaA TGCAGTGgTG	2760



ATTTGTGTGA AACATTTTGC TCTTAAATTG GTGCTAGATA CAAAAAATC CCCAACTAA 5760  
 ATAATAGTTT CAGGGTTTAT GAGTGAACGa ACATGCATAA CGAATTTGTC ATGCAATCAA 5820  
 5 TGTAAGAGAA GTTTCATCAA ATAACTGTG ACCATCATAT AAAATGATAT AAATCACCCA 5880  
 CCATGGTTAC AATTTAATGG CTGAAGCTAC TCCTAGTATT GTGTTGTTAC TCATAGTCAT 5940  
 10 GTCGTTCAAG GCAACATGGT AGAACTTCT AAAGCCATAT TCTTTAGATT ATATGAGTTT 6000  
 ATGTAAATTA TTTAACGATA ATAGCAAATT TTCGGCATT TTTCAATAAC TGCTTAGGTA 6060  
 ATCTTTTAAT AGTTT 6076

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 307:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6136 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 307:

25 ACCGCCGATT GATAGCTTTA CTGCTGCGAT AAAACTGCCT TCAACAATTG GTGCATCAAC 60  
 TTTTAACACA CGATGATTAC CATCATACAT TTCAATTGCC ATATCTACAT TCATTTCTGA 120  
 30 AGATCCAATA TCGTAAAAAC ACAATGCATC ATCCTCTAAT TTAGTCAAAA CTTCTTGAT 180  
 GATATCAAAT GAAGTTCCAA TTGAACCATC TGGTAATCCC CCGATTGGTA TAATATCAAC 240  
 GTCACCTGCC ATTTGCTTTA ACAAAGATTT TGTACCACTT GCAATTTCTT TACTGTGGCT 300  
 35 AACAAGTATA ATTTTAGGCA TTATCTTCAT CTCCAATCAA AGCGTTTAAA ATATAAACCA 360  
 TACTTTGAGC ACCTGGATCA ATATAACCTT TTGATTCCTC TCCAAAATAT GCAGCTCTAC 420  
 CTTTCGTTGC TACCATATCT TTTGTATTAT CTGCTAATTG CTGTAAATCA TTGAATGTTA 480  
 40 AAGTTTCACC ATTTTAAAGC TTCTCTGCTG CTCGCGCTAC TACATCATAC ATTGTCTTTT 540  
 CATTTAAAGT AACTTTACCA CGTGATTCAA CCGCTTCGGC AAATGCCTGA ATTAGTGTA 600  
 TGAAATCTTG ATTATCCATA TCATCTTTGG TGAATGCAGA CATTTTAACA AAGCTAAAGC 660  
 45 CATAAGTGG TCCTGATGCA CCCCCAACAT TTGACATCAA TGCCATACCA GTTGATTTGA 720  
 ACAATGATTG CATTGAGCTA TCATCAAGTT TGTCTTTAAG ACTACTAAAC CCACGAACCA 780  
 50 TGTTAACCCC GTGGTCACCA TCACCAATTG CTCGATCTAA TTCAGTTAAT TCAGATTCAT 840  
 GTTTTTTAAA CGTTTCTTCT AAATTTAATA AACGTGCTTT CATATCATTC ACTTTTATTT 900  
 GTGCCACCTC ATAAATGTAT ATTTATTCAT ATCACTTCT TATTTAAAGT ATTGACTTGT 960

	GCAGAGATTG CGCCTAAAAC AATTCCGTTT TGAGTCAACC ATGCAAATTG TTCACCTAAA	3960
	CCTTTAAATG CTTGTGGTAC AGCGCTTATA CCAGTACCTA AtCCTACTGA TACAGCGATA	4020
5	ATTAATAAAT TGTTTTGATT TTTAAAATCG ATATGTCCTA ATATACTAAC ACCATATGCC	4080
	ATTACCATGC CAAACATAGC TATCATCGCA CCGCCTAACA CAGGTAGCGG TATGATATTT	4140
10	GCTAATGCGC CAAGCTTAGG TATACAACCA CATATAAGTA ATAACACGAC CATGCCGTAT	4200
	ATAACATTGT TTTTCTTAGC GCCGGATAAA GAAACAAGTC CTACATTTTG CGAATAGGCT	4260
	GTATACGGAA ATGAATTGAA TATAGAACCT AAaACTATCG CTAGACCTTC CGCAGTATAA	4320
15	CCTTTACGAA AATCTTTTCT TTCTAACTTC TTACCGGTAA TTTCACTTAA CGCATGATAG	4380
	ACACCTGTCG ACTCAATTAA ACTAACGATA GCTACAATAA AGAACACTAA CGTCGATGTC	4440
	ACATCAAAGC TAAATCCAGA GAATCTAAAC GGCCTGGGA TGCCTAACCA ACCGGCATGA	4500
20	TTGACTTGAT TAATATCGAC CATCCCAAGT AAGCCAGCAC CTATCGTTCC TAAAACGAGT	4560
	CCAATTAATA TGGCAATACT CTTAATAAAT CCAGTTGTGA ATCTTTGTAA AAGAAGAATA	4620
	ATGATTAATG TCATTAAACC TAACAAAATG TTCTTAACAT CTCCATAGTC CTTTGCACCT	4680
25	TGACCTCCAG CTAAGTAATT CATTGCTACT GGCATTAAAT TGATACCAAT GATAGTAACA	4740
	ACACTACCCG TTACTIONTGG TGGGAAGAAT TTTACAAGAT GTGAAAAGAA AGGCGCGATG	4800
	ATAATAACTA ATATCCCTGA TAAAAATAGC GAACCATAAA GTACATCTAT TCCTTTTCGTT	4860
30	TGACCAATTA AAATCATGGG CGCAACAGCC GTGAATGTAC ATCCAAGAAC GATTGGTAAT	4920
	CCTGTTCCCTG TTACTTTTATT GGCTTGTAAG AATGTGGCAA CCCCACACAT AAATATATCT	4980
35	ACTGTAACTA AGTAAGCGAT TTGTTTCAGGT GTAAACTTCA AACTTGTAAC AACAATGATT	5040
	GGAACCTAAGA TAGCACCTGC GTACATAGCT AAAAGATGTT GAACACTTAG GATTAAATTT	5100
	TTCAATTATTC TTCTCCCACC AATGTCACTT TGTTCCTTC TAGTGAAGCA ACCTTGCAGA	5160
40	GAGAAGAAAC TGTAAACCT GCTTCTTCTA AACGTTGATG CCCATTTTGG AAACTCTTTT	5220
	CAACAACAAT ACCAATACCA GCTGTCTTAG CATTGCTTGG CTGTGCGATA TCGTATAATC	5280
	CTAATGAAGC ATCACCATTG GCTAAAAAGT CATCGATGAT AAGTACAGTA TCTTCTTCTG	5340
45	ATAAAAACTC TTTTGAAACA ATGACCGTAC TTGTTTTTATT TTTAGTAAAT GAATGAATAG	5400
	ATGTTTCATA ATAACCATCC GTCAAAAGTGC TAGGTTTTTGC TTTTTTCGCA AATAAACATG	5460
	GCACATCAAA ATGCAGTGCA GCCATGATTG CAGGTGCGAT ACCGGAAGCT TCAATGGTTA	5520
50	AGATTTTAGT AATCCCTTTA TCTTTAAATT GCTCGTAAAA AGTGCGACCA ACTTCATTCA	5580
	TTAACTTTGC ATCAATTGTA TGATTTAAAA ATCCATCGAC TTTTAAAATC TTCTCATCAA	5640

55

	TAAATGAACC TTCTTCATAA ACTGAATTTG GACCACCTGA TAAGATAATA CCTTTTGGAT	2160
	TCATTTTCTT AATTTCTTCA ATTGAAATTT CATGATCGTG TAATTCACCTA TAAACGCCCCA	2220
5	TTTCACGAAT TCGGCGTGTA ATTAATTGGT TGTATTGGCT ACCAAAGTCT AAGACAAGGA	2280
	TTAACTCTTG TTCTTTTGCC ATTTCCATAT TTGTCGTTCT CCTTTATCTT AATTAGAATG	2340
10	AGTAGTTCGG TGATTCTTTC GTAATTTGAA TATTATGTGG ATGGCTTTCT GCTAAACCAG	2400
	CAGGACCCAT ACGTGTAAT TGTGCTTCTT CGCGTAATTC TCTTAAATCG TGTGAACCAG	2460
	TATAACCCAT ACCAGCACGC ACACGCCCCA TTAATTGGTA AATTGTATCT TGTAACGCAC	2520
15	CCTTATAAGC CGTACGTCCT TCGATACCTT CAGGAACAAA TTTCTTAGGC GCTTTGTCCT	2580
	CTTGGAAGTA ACGGTCGTTT GAACCTTTTT CCATCGCACC TAAAGAGCCC ATACCACGGT	2640
	ATACTTTATA TTGTCTACCT TGGAAAATTT CTGTTGCGCC TGGGCTTTCT TCAGTACCTG	2700
20	CTAATAAGCT ACCTAACATA ACCGCATGTC CACCAGCAGC TAATGCTTTA ATGATATCTC	2760
	CTGAGAATTT AATACCACCA TCAGCAATGA TAGCTTTACC ATGTTTGCGT GCTTCAGTtG	2820
	CACAATCATA AATTGCTGTA ATTTGTGGTA CACCAACACC TGCTACAACA CGCGTCGTAC	2880
25	AAATTGAACC TGGGCCAATA CCAACTTTAA CAATATCTGC ACCCGCTTCA AATAAATCTT	2940
	TTGTTGCTTC TGCAGTTGCT ACGTTACCTG CTAATAATGT GATTTCTGGG TAAGTCTTCT	3000
30	TAATATGTTT CACTTGATCG ATAACACCTT TAGAGTGACC ATGTGCTGTA TCGATAACTA	3060
	AGACATCCAC ACCTGCTTCG ACTAATTTTT GAGCACGAAT ATCAGTATCT TTTGAAATAC	3120
	CAATTGCTGC GGCTACAAGT AGACGACCAT GTTCATCTTT TGCTGCATTA GGAATTCGA	3180
35	TAACTTTTTT AATATCTTTA ATAGTAATAA GACCTTCTAG ACGTCCGTCT TTAACATAATG	3240
	GTAACTTTTT AATCTTATGT TTTTGGAGAA TTTTTCTGC TTCTTCAAGT GTTGTATTCA	3300
	CTGGAGCTGT AATTAAATTt TCTTGCGTCA TTACATCTAC AATTTTAATC GAGAAGTCTT	3360
40	CAATAAAACG TAAGTCACGG TTTGTTAAAA TACCTACTAA GTTGCGATCT TCTTTATTAT	3420
	CAACAATTGG TACACCTGAA ATACGGTATT TACCCATTAA TGCTTCTGCT TCATAAACGC	3480
	TTTCTTCTGG CGTTAAGAAA AATGGGTTTG AAATGACACC ATTTTCTGAG CGTTTTACTT	3540
45	TTTGAACCTC GTCCGCTTGT TCTTCAACGC CCATATTTTT ATGAATAACA CCTAAACCAC	3600
	CTTGACGAGC CATAGCAATC GCCATTTTAG ATTCAGTTAC AGTATCCATA CCAGCAGAAA	3660
50	TAACTGGAAT ATTTAATTTA ACTTTGTCTG ATAATTGTAC GCTTAAATCA ACGTCTTTTCG	3720
	GTAAAAATATC AGATTGTGCT GGAATTAATA ACACATCATC AAACGTTAAT GATTCTTTTG	3780
55	CAAATTTACT TTCCACATT AAAACAGCC TCCATTTTTT AAATTAATTA GTTATATTAT	3840

	GTAGATAATC GAATTATTCC TAAAAATATA ACTCAAACA CAATCTTCAA ATTGAGTAAT	360
	TTAACCTTAG AGGTTAACCT CTATGAAAGA AACACAATTT ATCACGGAGA CTTTGCTATT	420
5	TACTATCCTG TAGAATCTGC TCTAATAATA GAAACAGATA CTCCTAGGCT AATTAATCAT	480
	ATAAATAACA ACCCAGTCCA AAAAATATTT ATAATAACAA CAAATGACTG GAGCTTTAAT	540
10	ACACTTGaAT TAGAAAAAAT AGTAGACGAA ACTATAATTT ATGATTTAAA ACAAGAAGAT	600
	CCTAAACAAT ATGAAATTTT ATATAAAAAT AAACACGGAA AATTGCCTTA TTGATGAATT	660
	AAAACGCAAA CTTAGAACAC CTTACCCCTT TTCCGTCCTT ATTGTAATTT TCCAACTACT	720
15	CAAATTAAAA ACCACCCGTG CAAACAGGTG GTTTTATTAT ATATAATTAT TCCCACTCAA	780
	TTGTGCTTGG TGGTTTTGAT GTAATGTCAT AGACTACGCG GTTGACGTGA TCTACTTCGT	840
	TTACGATACG ACTAGAAATC TTTTGTAAGA CTTCCCAATC GATGCGTGCG AAGTCACTTG	900
20	TCATACCGTC GATAGATGTT ACTGCACGAA TACCTACTGT GTGATCATAC GTACGGTAGT	960
	CTCCCATAAC ACCTACTGAT TGAATGTTTG GTAACACTGT GAAGTATTGC CAAATTTCTC	1020
	TTTCAAGACC TTCTTCTCTA ATCACTTGGC GTAAAATCGC GTCTGATTCT CTAACGATTT	1080
25	CTAGTTTATC TTCAGTAATT TCTCCAAGTA CACGAATACC AAGACCAGGT CCTGGGAATG	1140
	GTGTGTCTCCA TACTAAATGT TCTGGAATAC CTAACTCAAT ACCTAATTTA CGTACTTCAT	1200
30	CTTTAAACAA TGTATTGATT GGTTCGATTA ATTGGAATTC CATGTCTTCT GGTAATCCAC	1260
	CAACATTGTG GTGTGATTG ATTGTTTGTG CTGTTTTAGT ACCTGATTCTG ATGACGCTG	1320
	TATATAGTGT TCCTTGCGCA AGGAAGTCTA CACCTTTCAG TTTTGATGCT TCATCATCAA	1380
35	ATACGTATAC AAATTCATTA CCAATGATTT TACGTTTTTG TTCAGGATCT GAAACACCTT	1440
	TTAATTTTATT CATAAAGCGA TCTTTGCGAT TAACACGAAT AATATTCATG TTGAAACCTT	1500
	CACCGAATTG CTCCATAACC ATGTCGCCTT CACCTTTACG AAGtAAGCCA TGGTCTACAA	1560
40	AGATACATGT TAGTTGATCA CCTATTGCTT TATGCAATAG TACAGCTACA ACAGATGAAT	1620
	CTACGCCGCC ACTCATCGCA CATAATACAC GACGGTCTCC TACGCGTTGA CGAATCTTTT	1680
	CAATTTTCGAT TTCGATAAAG TTTTCCATTG TCCATTGACC TCTACAATCA CAAACACGAC	1740
45	GGACAAAATT ATTTAATAAA TCATTACCAT ATTCTGTATG ACGTACTTCT GGATGGAATT	1800
	GAACACCATA AATGCGACGT TTCTTATCTT CGATTGCTGC ATAGTCTGTG CTTGGGCTAT	1860
50	CAGCGATAAC TTCAAAGCCT TCTGGAATTT CAATAACTTT ATCAGAATGA CTCATCCAAA	1920
	CAGTTTGTTC TGCTGGTAAG CCAGCGAATA ACTCATCTGA CTTGCGATTA ATGATTGCTT	1980
55	TACCGTATTC ACGTTCATTG GCACGTTCAA CTTTACCACC TAATAATTTA GTAGTTAATT	2040

TATTGTAATT GTGTAGCTGC ATAGTCAGCA TAGTTATTCA TTGAACGTGC AAATGAAGCA 360  
 TAGTCGTGTG TGTGTACGAT TTCAACATTG ATGAATCTAG GGTTACCGAC TGCACCGACA 420  
 5 CCCCAGATA AGTAATCCGT TGGTGCTGTT TCGATTATAC GATCCCCATC AACAAATGCA 480  
 TGTACGAATG CGTTTTGATA GTTATTTTTC ATATAACTAA TTTCAACCATT TATCGTCGAA 540  
 CGATCATTAG CTGTATCATG AACTACGATA CCTTCAGGAC GACCTACGCC GTTACGGTAT 600  
 10 GCGTATTTAG GGAAGTAAGA TGTATAATCT TCTTCAATTT TAGGTGCTTT TAAGTTATTT 660  
 TTACAAATGT AATCGTTAAT TGAAGAGTTT ACTTGTGGTT TATATTTTGG CAAACTCGTT 720  
 15 TTTGGTGTTG CAGCAACTGA TCTTGGTTGT GCTGAAGCGC TAAAAGTAGT TACTTTAGGT 780  
 GTCGCTTCAG TTTTAGCTTT AGGTGCTGAT GTAGTTGCAG CTTTAGGTGC TCGGGTTTTA 840  
 TATTGCGTYT CAAGAGCTGC AGGTTTAGCA GCTGATTAA TTAATTCTGG ATTAATTTGA 900  
 20 TTTTCTGAAT TATCATCTTC ATCATCAACT AACTATAAC CAGCATTTGT AACATTAGTG 960  
 TTAGTTTTAG GTGCTGTAGT GCTTGTGAC TTTGCAACAG GCTGCGTATT ATTTGTAGTC 1020  
 GCTGATTGAT TAGCACGAGT GTCACCATT ACTTGTGCAG TATCAACTTT TTGACTTACT 1080  
 25 TGAGCATTGC CTGTTTTGTT ATTTGCTGTT TTTGGTTGGA CAATAGCAGG GTCTTGATAT 1140  
 ACTTGAGTGC CAGAAATGTT TTGCGTTGGA TTTTTACCT CAGCTTTTGC TTGTTGAGTA 1200  
 GTTGCTTTAA CTTTATTACT ATCTAAAACG TTTTATTAG TAGTTTGATC TTGTGTCGTC 1260  
 30 TCAGCTGCTT GAACTTGATG TGCAGTGA CTGTAACCTA CAAGCGTTAA TGCAACCATT 1320  
 GAGGTAGTTT GTAATTGAAT TTTTCGCCA TTCTATTAT TACTCCyAAC ATTTATTAAT 1380  
 35 TATtACTAAC ATTATAGTAC CTGtTTTATA TACCTGTGCG TA 1422

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 306:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 6076 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 306:

ACGCGTTGGT TATTTCAATC ATAATATTAC TCTGCAAATA CACAGCCCTG TAACCGAGTA 60  
 AATGGATAGA GATTTGAACA AATGAAAACA ATCAACTAAT GGAAAGGATA AAATATTATG 120  
 50 CACAACAATA ATGAATTCAA CAAAAACTG AAAGATTTTA TAGGTAGCGA TAAACGGATG 180  
 GCTTTAGTAA AGGGTTATGT TAACGAGTAT AAATTAACAA CTGTTTTAAG AGCTTTAAAT 240

TTCTACATGT GCGTTAAAC CTTTTTGA TGTGACG CCATAGTCTT CTGATGACTC 2760  
 TGAAAAGTCA CCGGTAATAC CATAAAATT ATAGCGATCA ATATGATGCG CTTTAGCAAA 2820  
 5 CTTAATCATT TCCCCTGCA AATGGTAGGC ACCCATATAA GCATTATATT TAGGGTTTGA 2880  
 ACCACTAGAT AAGTAATAAA CTTTCATGCTC ATTGTAGATA AATAAAGCAG AAGCTAAGTT 2940  
 10 TAAGACTGCA CCATCTTGTT CAATTGTTC TATTGTATTG TCGATTTTAC GCTTATTGCT 3000  
 ATTTAGCTGT TGTCTAGCT GTGTGCGTTT CGTTTATTTT TTCTTTGAAT TAGGACTTTC 3060  
 TTCCAATGCT TCTTCAACAC CTGAGAGTTC AGCTGTTAAT TGTGTGTGCT TTAATTGTAA 3120  
 15 CGTTTTTAAA TACTCGTTTA AATCAATATA CGCCAACTTT AACATGGCGT GGTCATCGTA 3180  
 TAACTTTTGC ATTTCTTCAA AGTATGGTAA CTCACGGAAT TTGAAACCGT GCTTTTCCTC 3240  
 AGCCATATGG AATAAGTCGA AAAAAGTTTG CGTTTCATCA ATCGTTAAcG TTTTaGTTTT 3300  
 20 GACACCAATa TCaTATGTtT tTtTAATATT ACGTCTCGtT TGATAATCCA TTTCTTTTAA 3360  
 AAGTTGGTCT TCAGTCTTAT CTTTTAAATC TAACACTGAC AGCCAACGGA TTTGGCTCAT 3420  
 TGAATCATAA CCTACAGGGA AACCTTGGTG TTTATAACCT AATTTATCCA TTGTTCTaAC 3480  
 25 AAATGCTCGG TTATCATAAG ATTTAACAAT TTCACCGTCT GCATTGCGTA AATTTTCAAT 3540  
 TAAATATGGA TCTACAAGGA CATATAAACA ATTGTGTTTC TTTAAATATG ACGTTAATGC 3600  
 30 TTTAAAGAAA AATGCTACTA ATGATTGATT TGTATAATCC ATCACTGGCC CGCGATGTGT 3660  
 ATAAAAATAT TTGAAAATT TAAGTGTGCG TGCTTCTGTC AATAAGCATC CTGCAATCAC 3720  
 TTGACCATTG TCATCTTTAA CCCCTACrAG ATGCACATCG CCTTTTAAAT CAACTCTATG 3780  
 35 ATTGTAATGA ATAGCTGATT GTGTGTAATG TGAAAAATGC T 3821

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 305:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1422 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 305:

GCGACACCAT TGTTCGAGC AACTGTTAAT TTACCAGTTG ATGGTTTCGA CGGTGTTGTT 60  
 50 GGTTTTGATG GTGTAGTAGG GGTAGTTGTA GATTGCGTAC CCCATGGCGC CACTTTACCC 120  
 ATTTTTATTA AATATTTTTC ATTAATTAAG TCATATAATT GATCATAACT ATAATTATGA 180  
 CTTCTTAAAT ATCCATGTGG ATcGGCATGG TCAGTACCAC CTAAATATTT ACTTACAGCG 240

	AAAAACCTAA	TGcTAAGATC	AAAGCAATCA	AAGGTAATGC	TGAACAAAGT	AGATCTGCAT	960
	TTGCATTTTC	TAAAAAAGCA	GATGATGAAA	CAGTTCAAAA	ATTCAATGAT	GGCTTGAAAA	1020
5	AAATCGAGGA	AAACGGTGAA	TTAGCTAAAA	TAGGTAAGAA	ATGGTTTGGT	CAAGATGTTT	1080
	CTAAATCTAA	ATAGCGAACA	ACAACATGCG	CTAGATGCTG	CAAAACAAGC	TTTCGGACCT	1140
10	ATGCTAGAAG	GTTTGGTCAA	ATATTCAATT	CCTATTACAT	TAGTTACATT	TGTTTTAGGA	1200
	TTGATTATTG	CATTATTTAC	AGCATTAAATG	CGAATTTCAA	CGAGTAAAAT	TTTAAGAAGT	1260
	ATTTACAGTG	TCTATGTATC	TATTATTCTGA	GGAACACCAA	TGATAGTACA	ACTATTTATC	1320
15	ATATTTTATG	GTATTCCAGA	ATTAGGTAGA	TTATTAACAA	ATGACGCTGA	CAACCAATGG	1380
	ACATTGGCAC	CTGTAGTGGC	TGCTATTATT	GGTTTATCAT	TAAATGTAGG	TGCGTATGCT	1440
	TCGGAAATTA	TTCGTGGCGG	TATTATTTCT	ATACCGAAAG	GACAAACAGA	AGCTGCaTAT	1500
20	TcCaTCGGTA	TGACGTATGG	TCAAACGATA	CAACGTATCA	TTTACCGCA	GGCAATTCGA	1560
	GTGTCGATTC	CTGCACTAGG	TAATACATTT	TTAAGTTTAA	TCAAAGATAC	ATCATTATTA	1620
	GGATTTATTT	TAGTGGCTGA	AATGTTTGA	AAAGCTCAAG	AAGTTGCGTC	TACAACATAT	1680
25	GAATATTTAA	CAATTTATGT	GTTAGTTGCG	CTAATGTACT	GGGTGGTATG	CTTTATTATT	1740
	TCAATTATCC	AAGGTATCTA	TGAATCTTAT	ATTGAAAGAG	GGTATCGCTC	ATGATTCAAT	1800
30	TGAACAATAT	CCATAAATCA	TTTAATGATG	TTGAAGTCAT	CAAAGGTATT	GATTTATCTG	1860
	TTGAACAAGG	TGAGGTTGTA	ACCTTAATCG	GTCGATCTGG	TTCAAGTAAA	ACAACATTGT	1920
	TACGTATGAT	TAATGCATTA	GAAATTCCAA	CTGAAGGTAC	AGTTTATGTT	AACGGCAAAA	1980
35	CATATACATC	TAAAGATAAA	AAATCACAAA	TAGAAGTTTC	TAAACAGTCT	GGTATGGTAT	2040
	TTCAAAGTTA	TAACCTTTTT	CCGCATAAGA	CGGCATTAGA	AAATGTAATG	GAAGGTCTTA	2100
	TCAÇAGTTAA	AAAGTTGAAA	AAGGATGAGG	CACGTGGGAA	ATCACTTGAG	TTACTTGAGA	2160
40	AAGTTGGTTT	AACACATGTC	AAAGATCAAC	GTCCACATGC	ATTATCAGGT	GGTCAACAAC	2220
	AACGTGTTGC	TATTGTCAAG	AGCACTAGCA	ATGAACCCTA	AAGTGATGTT	GTTTGATGAA	2280
45	CCAACATCTG	CACTTGATCC	TGAACTTGTG	AATGATGTTT	TAAAGGTTAT	TAAAGATTTG	2340
	GCTAATGAAG	GCATGACAAT	GGTCATTGTG	ACACATGAAA	TGCGTTTTGC	TAAAGAAGTA	2400
	TCTAATAACA	TTGTATTTAT	TCmTGAAGGC	ATGATCGGAG	AACAAGGGGC	TCCAGAAGAG	2460
50	ATGTTCAATC	GTCCGAAAAC	AGAAGAATTA	AGACGTTTCT	TAAATGTTAT	AAATGAAGAA	2520
	TAATCAAATA	GAACCACGTA	TCATGTTTTA	GTATGGCGAT	GAAGCCATAT	ACATGATGCG	2580
55	TGGTTCTTTG	TTATGTTGTC	ATAATCTTGG	AGCGATATTT	TAACGACGTT	TATGATTTAA	2640

ACTCAGGCTT TGTGnAACCT AATCCTAATG ACTATGACTT TTCAAAATTA TATTGGGGAG 2700  
 CTAAATACAA TGTATCTATA AGCTCACAAT CTAATGATTC AGTAAACGTC GTTGATTATG 2760  
 5 CACCAAAAAA TCAAAATGAA GAGTTTCAAG TTCAAAATAC TTTAGGCTAT ACATTTGGTG 2820  
 GTGACATTAG TATCTCTAAT GGTTTATCTG GTGGACTTAA TGGAAATACA GCTTTTTCTG 2880  
 AAACAATTAA TTATAACAA GAAAGTTACA GAACAACATT AAGTCGCAAC ACAAATTATA 2940  
 10 AAAATGTTGG CTGGGGAGTT GAAGCACATA AAATTATGAA TAATGGTTGG GGACCTTATG 3000  
 GAAGAGATAG CTTCCACCCA ACATATGGTA ATGAACTCTT CTTAGCTGGC AGACAAAGCA 3060  
 15 GTGCATACGC TGGCCAAAAC TTCATAGCGC AACACCAAAT GCCATTATTA TCTAGAAGTA 3120  
 ACTTCAATCC AGAATTTTTA AGCGTACTAT CACACAGAC 3159

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 304:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3821 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 304:

GCAAAAACCTT TTCTCCAACCT ATGTCAGACT ATAATGGCAT GAACAAAATT GATATGATGA 60  
 30 ATCAAATTAA AGTTGATACG ATGTTGCATG GTTATCACGC TGGATTTTTA TTTGCATTAT 120  
 TGATTACAGT TGTTAGTTTC TTTTGTTTCAT TTATGTTACA AGGTAAGAAA AAAGAAGTTG 180  
 35 ATTCTCGTCA ATAAATATAA GTTGCTAGCT ATATAAAGCT TTTTAGCAAA AGTTCAACAT 240  
 ATTGACTTAT CCGGCATTTT AGATTAAAAT ATTTTATTTC CGATTAGAAT AATAAGAATA 300  
 AGGAGATATA TTCTATGAAA AGACTTTTAT TTGTGATGAT AGCTTTCGTT TTCATATTGG 360  
 40 CTGCATGCGG AAACAATTTC TCGAAAGACA AGGAAGCTAG TAAAGATAGC AAGACAATTA 420  
 ATGTTGGGAC TGAGGGGACT TATGCACCAT TTAGTTTCCA CGATAAAGAT GGTAAATTAA 480  
 CTGGTTACGA TATTGATGTT ATTAAGCAG TGGCTAAAGA AGAAGGTTTA AAACTTAAAT 540  
 45 TTAATGAAAC TTCTTGGGAT TCTATGTTTG CAGGTTTAGA CGCAGGGCGT TTTGATGTAA 600  
 TCGCGAACCA AGTAGGTATT AATCCTGATA GAGAAAAGAA ATATAAATTT TCTAAGCCTT 660  
 50 ACACATTCTC AAGTGCTGTT TTAGTTATTTC GTGAAAATGA AAAAGATATT AAAGATTTTG 720  
 ATGATGTAA AGGTAAGAAG TTAGCACAAA CATTACATC TAATTATGGT AAATTAGCTA 780  
 AGGATAAAGG TGCTGATATT ACAAAGTTG ATGGCTTTAA CCAATCAATG GATTTATTAT 840



	AAAAATTAAA AGCATCACAC CTAAGTAAAC AGTTCaATCA TCTTAAAAAA TCCTGGGACA	900
	CTTCATACTT GTCTCAGGAT TTTTmACAA ATTGAATCAG CCTCATAACA TTAAATTATT	960
5	TTATCGTACA TTAAATTtAA TAATAACAAC TGATTTTTTAT AAGAATAAAG TATCGAmCCA	1020
	TAGTAGATAC ACAAATAATA CAAATGAAAC AATTtAACTT GAAAGCTTaa ATAAATATTA	1080
10	TCAAGTTAAT AAACAATTAA TTTTtAGATG GATTcATCAA AAATCGTAAA AAAGCACAAT	1140
	TTGTATTTTA CAAACATTAA TTAAAAAAGA AAGCAAGACA TTCGTGCAAT CGGTTACCTT	1200
	AAATTGTTTA CAACTGTCAA CAATACCAAG GTTTTATTAA CTATATTTCT CACAAAATTA	1260
15	GCTTTTtAGCA TTCCAAACAA AAAAGGTtAA ATCGAACGGA ATTATGGCAT TTTtAACTTA	1320
	ATTGTAAAAA AAGTTGATAA TGGTCAATTG TTAATGAACA GTTAATTATA ATAACGCCCA	1380
	AAATATATTA TTATTtAATT AAGTTAAATA AAATTATAGA AAGAAAGTGA AACTTATGCT	1440
20	TAAAAATAAA ATATTAACTA CAACTTTATC TGTGAGCTTA CTGCCCCCTC TTGCCAAATCC	1500
	GTTATTAGAA AATGctAAAAG CTGCTAACGA TACTGAAGAC ATCGGTAAAG GAAGCGATAT	1560
	AGAAATTATC AAAAGGACAG AAGATAAAAC AAGTAATAAA TGGGGCGTGA CTCAAAATAT	1620
25	TCAATTTGAT TTTGTAAAGG ATAAAAAATA TAACAAAGAT GCTTTGATAT TAAAGATGCA	1680
	AGGATTCATT AGCTCTAGAA CAACATATTA CAACTATAAA AAAACTAATC ATGTTAAAGC	1740
30	TATGCGATGG CCATTCCAAT aTaATATTGG TTTAAAAACA AATGATAAAT ATGTTTCTTT	1800
	AATTAATTAT TTACCTAAAA ATAAAATTGA ATCTACAAAC GTGAGTCAGA CATTAGGATA	1860
	CAATATCGGT GGTAATTtCC AATCAGCCCC ATCACTCGGT GGTAATGGAT CATTtAACTA	1920
35	TTCTAAATCG ATTAGCTATA CACAACAAAA TTATGTAAAGT GAAGTAGAAC AACAAAATC	1980
	AAAAAGTGTT TTATGGGGCG TCAAAGCGAA TTCATTcGCC ACTGAATCAG GTCAAAAATC	2040
	AGCCTTTGAT AGCGATTTAT TTGTAGGCTA CAAACCTCAT AGTAAAGATC CTAGAGATTA	2100
40	TTTCGTTCCA GACAGTGAGT TACCACCTCT TGTACAAAGT GGATTtAACC CTTcATTTAT	2160
	CGCCACAGTA TCTCATGAAA AAGGTtCAAG CGATACAAGC GAATTtGAAA TtACTTACGG	2220
45	AAGAAACATG GATGTCACTC ATGCCATTAA AAGATCAACG CATTATGGCA ACAGTTATTT	2280
	AGACGGACAT AGAGTCCATA ATGCATTTGT AAATAGAAAC TATACTGTGA AATACGAGGT	2340
	CAATTGGAAG ACTCATGAAA TCAAGGTGAA AGGACAGAAT TGATATGAAA ATGAATAAAT	2400
50	TAGTCAAATC ATCCGTTGCT ACATCTATGG CATTATTATT ACTTTCTGGT ACTGCTAATG	2460
	CTGAAGGTAA AATAACACCA GTCAGCGTAA AAAAAGTCGA TGACAAAGTT ACTTTATACA	2520
55	AAACAACAGC CACAGCAGAT TCTGATAAAT TTAAAATtTC ACAGATTTTA ACATTtAATT	2580

AATGGTTGAA CATACAGAGC AGTTTATGCC TAAAGATAAA CCAAGATATT TAATGGGTGT 6660  
 AGGATCTCCa GATGCGTTAA TCGAATGTAG TATTCGCGGC ATGGATATGT TTGATTGTGT 6720  
 5 CTTACCGACA CGTATTGCCA GAAATGGTAC TTGTATGACA TCGCAAGGTC GTTTAGTTAT 6780  
 TAAAAATGCA AAATTTGCAG ATGATTTAAG ACCGTTAGAT GAGAATTGTG ACTGTTATAC 6840  
 ATGTCAAAAC TATTCAAGAG CGTATATACG TCATTTAATC AAGGCAGAGG AAACCTTTTGG 6900  
 10 TATTCGTCTT ACTACTATTC ATAATTTACA TTTTCTGCTA AAATTAATGG AAGATATAAG 6960  
 ACAAGCCATT CGAGAAGATC GTCTTTTAGA TTTCAAAGAA GAATTCCTCG AGCAATATGG 7020  
 15 ATTAAATGTT GAGAACCCAA AAAACTTTTA AGCAAGAGGA GCGTATAAAA TGCAATTTTC 7080  
 ATTACTAATA TATATAGTCG TAATTTTTGC GGTTATGTAT TTCTTGATGA TCAGACCACA 7140  
 ACAAAAACTG TCGGAAACA 7159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 303:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3159 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 303:

30 TCCATTTATA GAAATTTCTA AAGCAGAnAA TAAGATAGAA GATATCGGCC AAGGTGCAGA 60  
 AATCATCAAA AGAACACAAG ACATTACTAG CAAACGATTA GCTATAACTC AAAACATTCA 120  
 35 ATTTGATTTT GTAAAAGATA AAAAATATAA CAAAGATGCC CTAGTTGTTA AGATGCAAGG 180  
 CTTCATTAGC TCTAGAAaCAA CATATTCAGA CTTAAAAAAA TATCCATATA TTAAGAAGAT 240  
 GATATGGCCA TTTCAATATA ATATCAGTTT GAaAACGAAA GACTCTAATG TTGATTTAAT 300  
 40 TAATTATCTT CCTAAAAATA rAATTGATTC AGCAGATGTT AGTCAGAAAT TAGGCTATAA 360  
 TATCGGCGGA AACTTCCAAT CAGCGCCATC AATCGGAGGC AGTGGCTCAT TCAACTACTC 420  
 TAAAACAATT AGTTATAATC AAAAAAATA TGTTACTGAA GTAGAAAGTC AGAACTCTAA 480  
 45 AGGTGTTAAA TGGGGAGTGA AAGCAAATTC ATTCGTTACA CCGAATGGTC AAGTATCTGC 540  
 ATATGATCAA TACTTATTTG CACAAGACCC AACTGGTCCA GCAGCACGAG ACTATTTTCGT 600  
 50 CCCAGATAAT CAACTACCTC CTTTAATTCA AAGTGGCTTT AATCCATCAT TTATTACAAC 660  
 ATTGTCACAC GAAAGAGGTA AAGGTGATAA AAGCGAGTTT GAAATcACTT ACGGCAGAAA 720  
 CATGGATGCT ACATATGCTT ACGTGACAAG ACATCGTTTA GCCGTTGATA GAAAACATGA 780

	GGCAGAAAAG CAACACCATT AGCTTATGAA CATTTTGCAA AGTCGAATGA GGAGAGAGAA	4860
5	TAACGTGAAT ATTGAAGAAT TTGACTATGA CTTACCAGAA TCATTAATTG CTCAAACGCC	4920
	TTTAAAAGAT CGTGATCATA GTCGTTTATT AGTCATGGAT AGAGAAACTG GTGAAATGAA	4980
	ACATTTACAT TTCAAAGATA TCATTGAGTA TTTTAGACCT GGTGATACAT TAGTGCTTAA	5040
10	CGATACGCGA GTAATGCCAG CTAGACTTTT TGGTTTAAAA GAAGAAACTG GTGCAAAAGT	5100
	TGAAATGTTA ATGTLAACTC AAATTGAAGG TAATGATTGG GAAGTCTTAC TGAAACCAGC	5160
	TAAGCGTATT AAAGTTGGTA ATAAATTGAA TTTTGGTAAT GGCAAAATTA TAGCTGAATG	5220
15	CATAAAAGAA ATGGATCAAG GTGGACGCAT CATGCGTTTA CATTATGAAG GTATTTTACA	5280
	AGAAAGATTA GATGAATTAG GGGAAATGCC ACTGCCACCA TACATCAAAG AACGTTTAGA	5340
	TGATCCAGAT CGTTATCAAA CAGTTTACGC TAAAGAAAGT GGTTCAGCGG CAGCACCAAC	5400
20	AGCAGGATTA CATTTTACTG ATGAGTTATT AATTGAAATT AAAAATAAAG GTGTTAATAT	5460
	CGCATTTGTT ACATTACATG TTGGGTTAGG TACGTTTAGA CCGGTGAGCG TAGACGATGT	5520
	GAATGACCAC GAAATGCATA GTGAATATTA TCAAATGACm CAAGAAACAG CTGATTTATT	5580
25	AAATGATACT AAGcCAAAGG ACATCGCATT ATATCAGTTG GTACAACCTC AACACGTACA	5640
	CTTGAAACAA TTCGACGCGA TCATGATAAA TTTGTTGAAA CGAGTGGCTG GACTAATATA	5700
30	TTTATTTATC CAGGATTGA TTTTAAAGCA ATTGATGGCC AGATTACTAA TTTTCATTTA	5760
	CCAAAATCAA CATTAGTTAT GCTAGTATCA GCGTTTAGTA GTCGTGAAAA TGTTCTGAAT	5820
	GCTTATAAAA CGGCAGTAAA TTTAGAATAT AGATTCTTTA GTTTTGGCGA TGCAATGTTA	5880
35	ATTATATAAA AAGAATGTGA GGATTITGAA TATGCCTGCA GTAACATACG AACACATTAA	5940
	AACTTGTAAG CAATCAGGTG CGCGTTTAGG TATCGTGCAC ACACCACACG GTTCATTTGA	6000
	AACACCTATG TTTATGCCAG TTGGTACTAA AGCAACCGTT AAAACAATGA GTCCAGAAGA	6060
40	GTTAAGACAA ATTGAAGCAA AAATCATTTT GGGCAACACA TATCATTTGT GGTACAACC	6120
	CGGAAATGAT ATTATCAAAC ACGCTGGGG ATTACATAAA TTCATGAATT GGGATGGTCC	6180
	GATTCTTACA GATTGAGCG GTTTCCAAGT GTTTAGTTTA AGTAATTTAC GTAAAATTAC	6240
45	AGAAGAAGGC GTGGAATTTA GACATCATAC TAATGGGTCT AAATTATTTT TGAGTCCTGA	6300
	GAAATCAATG CAAATTCAAA ATGATTTAGG ATCTGATATT ATGATGGCAT TTGATGAATG	6360
	TCCACCGATG CCTGCTGAAT ATGATTATGT AAAAAATCT ATTGAACGTA CAACACGTTG	6420
50	GGCGAAAAGA TGTCTAGATG CACACCAAAG ACCTGAAGAT CAAGCATTGT TCGGCATTAT	6480
	ACAAGGTGGC GAATATGAAG ATTTAAGAGA ACAAAGTGCA AAGGATTTAG TAGAATTAGA	6540

55

	TGTTGGTATG TTGGCACGTG TACTAGATGT TATATCAAAG TTAGAACTAT CTGTATTAAC	3060
	GATTCATCAA AGTATTCCAA TGGAAGAAAA AGCAACAATA ACATTATCAC TGAATGCTAA	3120
5	ATCTAAAGAA ACTTCAGTAG AAGATGTTAT TGGCGCTTTG AGAAATTTAG ATTATGTATC	3180
	AAAAGTAGAA TTAATTAGTA TGAGTATGTA AGGATGTGCC TATAATGTAC GCGTATGTCA	3240
	AAGGTAAGTT AACACATTTA TATCCTACAC ACGTAGTTGT TGAAACTGCT GGTGTTGGTT	3300
10	ATGAAATTCA AACACCAAAT TCTTATCGTT TTCAAAGCA TCTAGATCAT GAAGTTTTAA	3360
	TTCATACATC TTTAATTGTT CGTGAAGATG CACAATTATT GTATGGATTT AGTAGTGAAG	3420
	AAGAGAAAGA TATGTTCTTG AGTTTAATTA AAGTTACTGG TATTGGTCCG AAATCAGCTT	3480
15	TAGCTATTTT AGCGACAAGT ACGCCTAATG AAGTAAAACG TGCCATTGAA AATGAAAATG	3540
	ATACGTATTT AACTAAATTC CCAGGAATTG GTAAGAAAAC GGCAAGACAG ATTGTCTTAG	3600
	ATTTAAAAGG TAAAGTGAAA ATTACTGAAG AAGATAGCGA TTCATTATTA CAAGTAGACG	3660
20	CTACTTCGAC GGTGCAAGAT CAATTCGTGC AAGAAGCAAT GTTAGCGTTA GAAGCATTAG	3720
	GTTATTCTAA ACGAGAGCTT GCAAAAGTTG AGAAAACGTT AAATAAAAAAT AAATATGACT	3780
	CAGTTGATGA AGCTGTTAAG GCAGGTCTTC AATTAGTTGT ATCTTAATTT TAAATAGATT	3840
25	AATAGGGGAA GTGTTGTCAT GAATGAGCGT ATGGTTGATC AATCAATGCA TAGTGAAGAA	3900
	ACTGATTTTCG AATTGTGCT TAGACCTACG AGATTACGAC AATATATTGG TCAAATTC	3960
30	ATAAAAAGTA ATTTAGAAGT ATTTATTAAA GCGGCTAAAC TTCGTCATGA ACCATTAGAT	4020
	CATGTATTGC TTTTGGCCC CCCTGGATTA GGTAAGACAA CATTATCTAA TATCATTGCC	4080
	AATGAAATGG AAGTTAATAT ACGTACAGTA TCAGGGCCTT CATTAGAAAG ACCTGGTGAT	4140
35	TTGGCTGCAA TTTTATCAGG ACTTCAACCT GGAGATGTTT TGTTTATTGA TGAAATACAC	4200
	AGACTGAGTA GTGTTGTTGA AGAAGTGTTA TACCCTGCAA TGGAAGATTT CTTTTAGAT	4260
	ATTATCATTG GTAAAGGCGA TGAGGCTAGA AGTATCCGTA TCGACTTACC TCCATTCACT	4320
40	TTGGTAGGTG CAACAACGCG AGCTGGCAGC TTAACAGGTC CACTAAGGGA TCGATTGGT	4380
	GTGCACTTAA GATTAGAATA TTATAACGAA TCAGATTTAA AAGAAATCAT TATTAGAACA	4440
	GCTGAGGTTT TAGGCACAGG TATTGATGAA GAAAGTGCCA TTGAACTTGC TAAACGTTCT	4500
45	AGAGGGACTC CAAGAGTAGC AAATCGACTA TTGAAGCGGG TAAGAGACTT CCAGCAAGTG	4560
	AATGAAGATG AACAAATATA CATTGAAACA ACGAAGCAGC CATTAGGTTT ACTTCAAGTT	4620
50	GATCAACACG GACTAGATTA CATTGATCAT AAAATGATGA ACTGTATTAT TAAGCAGTAT	4680
	AATGGCGGAC CTGTTGGTTT AGATACGATT GCCGTAACAA TTGGTGAAGA ACGTATTACA	4740

## EP 0 786 519 A2

	AGACGTTATA CTAAATGTGC AcTGTATAAG AGCCCCTAAT CACTAAACTA TAAGGGGGAC	1260
5	AAAGGAATAC AGTTGCAGCG TTTAAAGAAT AAACGTGTACC ACAATTGGTG CTGAGAAATA	1320
	TAAGTATTTT AAAGCAAAGA TTTATAAAAAG TAACTGCATA AGAGCCCCTA ATTATTTACA	1380
	ATATATAAGG GGCTCTAATA TGCTATAATT ATTGGGAAAA TGAAAATTAT ATGTAAAAGA	1440
10	GGTGAGATAT ATGTTTGTCTG ATCAAGTCAA AATATCTCTT AAAGCCGGTG ATGGTGGTAA	1500
	TGGTATTACC GCATACAGAA GAGAAAAATA TGTACCATTT GGTGGACCAG CTGGCGGTGA	1560
	CGGTGGTAAA GGTGCTTCAG TCGTATTTGA AGTGGATGAA GGTTTAAGAA CGTTATTAGA	1620
15	TTTTAGATAT CAACGTCATT TTAAAGCAAG CAAAGGTGAA AATGGCCAAA GTAGTAATAT	1680
	GCATGGTAAA AATGCGGAAG ATTTAGTATT AAAAGTTCCA CCTGGTACAA TTATTAAAAA	1740
	TGTTGAAACA GACGAAGTGT TAGCAGATCT TGTTGAAGAT GGTCAAAGAG CTGTAGTAGC	1800
20	GAAGGGCGGT CGAGGTGGCC GAGGTAATTC ACGTTTTGCA ACACCTAGAA ACCCTGCACC	1860
	TGACTTCAGT GAAAAAGGTG AACCAGGTGA GGAATTAGAT GTATCTTTAG AATTGAAATT	1920
	ATTAGCTGAT GTAGGATTAG TAGGTTTCCC TAGTGTGGGT AAATCGACTT TATTATCTAT	1980
25	CGTTTCAAAA GCTAAGCCTA AAATTGGGGC ATATCATTTC ACAACGATTA AACCAAATCT	2040
	AGGTGTTGTT TCAACGCCTG ATCAACGTAG TTTTGTATG GCAGATTAC CAGGTTTAAT	2100
	TGAAGGTGCA TCTGATGGCG TTGGATTAGG ACATCAATTT TTAAGACATG TAGAGAGAAC	2160
30	AAAAGTTATT GTTCACATGA TTGATATGAG CGGTTCTGAA GGTAGAGAAC CTATTGAAGA	2220
	TTATAAAGTC ATTAATCAAG AATTAGCTGC GTACGAGCAA CGTTTAGAAG ATAGACCTCA	2280
35	AATCGTAGTA GCTAACAAGA TGGATTTACC TGAATCACAA GATAATTTAA ACTTGTTTAA	2340
	AGAAGAAAATT GGCGAAGATG TGCCAGTTAT TCCAGTTTCA ACAATAACGC GTGATAATAT	2400
	TGATCAATTA TTATATGCAA TAGCAGATAA ATTAGAAGAA TATAAAGATG TTGACTTCAC	2460
40	AGTTGAAGAA GAGGAGTCAG TTGGCATTAA CCGAGTATTA TATAAACATA CACCGTCACA	2520
	AGATAAATTT ACAATTTCAA GAGATGATGA TGGTGCTTAT GTGGTAAGTG GTAATGCTAT	2580
	TGAAAGAATG TTTAAATGA CTGACTTTAA CAGTGATCCA GCAGTACGTC GATTTGCTCG	2640
45	TCAAATGCGT TCGATGGGTA TTGATGATGC GCTTAGAGAA CGTGGTTGTA AAAATGGTGA	2700
	TATCGTTAGA ATTCTTGGCG GAGAATTTGA ATTCGTTGAA TAGGAGCGAA ACATGATGGA	2760
	CAATAAAGAT TATAAAAAGT TTTATTTAAT TAGAGAAGAT GTCTTGCCCTG AATCCGTGGT	2820
50	TAAAACATTG AAGATTAAAG ATGCCTTAAA AAGTGATCCG ACATTGTCCA TTTATGATGC	2880
	CGTTAAACAG TTTGATCTAT CTAGAAGTGC TTTTATAAA TATAGAGAAA CGATATTTCC	2940

55

CATGGGAACA GGTGTGACCT CTTTGCTATA GTCACCAGAC ATATGAATGT AATTTATACA 3900  
 TTCAAAACTA GATAGTAAGT gAAAAGTGGa TTTTGCTTCG CAAAACATTT ATTTTGGATT 3960  
 5 AAGTCTTCGA TCGATTAGTG ATTCGTGCAG CTCCACATGT GCACCATGCT TGCCACCTCG 4020  
 GAACCTATT 4029

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 302:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 302:

20 GATGCAATAG TTGAGTAGTT ATAAGTAGCT ACATACAACC GCTCAAATAT AGGTTCAAGA 60  
 ACATTTTTTAA TGAAGAAAGC GATTTTCCCG CAGAGTGCAA ACGCTTGACT CAATAACGAA 120  
 ATGTCACCTA TGTATGGCGT GACTTATTAT ACAGGaGGTG CAAAGTATGT TTGCTATTAT 180  
 25 TGAAACAGGT GGAAAACAAA TCAAAGTAGA AGAAGGTCAA GAAATCTTCG TTGAAAAATT 240  
 AGACGTAAAC GAAGGAGATA CTTTACATT TGATAAAGTA TTATTTGTAG GTGGAGATTC 300  
 AGTTAAAGTT GGAGCGCCAA CAGTTGAAGG TGCAACAGTT ACTGCTACTG TTAATAAACA 360  
 30 AGGTCGCGGT AAAAAATCA CTGTATTCAC ATACAAACGT CGTAAAAATT CAAAACGTAA 420  
 AAAAGGCCAT CGTCAACCAT AACTAAATT AACAAATCGAT AAAATCAACG CGTAATTATT 480  
 ATGATTACTG TTGATATTAC AGTTAATGAT GAAGGCAAAG TAACAGACGT TATTATGGAT 540  
 35 GGCCATGCTG aCCATGGTGa ATATGGTCAT GATATCGTTT GTGCTGGAGC TTCaGCTGTA 600  
 TTGFTTGGTA GTGTTAATGC GATTATAGGA TTGACATCTG AGAGACCAGA TATCAATTAT 660  
 GACGACAATG GTGGTCATTT TCATATAAGA AGCGTTGATA CAAACAACGA TGAAGCGCAA 720  
 40 CTAATTCTTC AAACAATGCT TGTGTCTTTA CAACTATTG AAGAAGAATA TAATGAGAAT 780  
 ATTAGATTAA ATTATAAGTG AGGTGCATTC CGATGTAAa ATTAACTTA CAATTCTTCG 840  
 45 CATCTAAAAA AGGGGTAAGT TCTACAAAAA ACGGACGTGA CTCTGAATCA AAACGCTTAG 900  
 GTGCTAAACG TGCTGACGGT CAATTCGTAA CAGGTGGTTC AATTTTATAT CGCCAACGTG 960  
 GTACTAAAAT TTACCCTGGT GAAAATGTAG GTCGTGGTGG CGATGATACA TTATTCGCTA 1020  
 50 AAATCGACGG CGTTGTAAa TTCGAACGTA AAGGTCGCGA CAAAAACAA GTTTCTGTAT 1080  
 ATGCAGTAGC TGAATAATTT TGTCTAGTTA ACACCAGAAG TGAATCTTCT GGTGTTtTTT 1140

	CAAAGTGGCG GCCGTGTGCT TCGTCAATGA GTACAGGAAT ATTTAATTGG TGCAAAGATT	2100
	TGATAACCTC TTCTACATTA AATGTTTCAC CGTAATAGTT AGGATAAGTC AACACAGCAA	2160
5	GTTTGTGACC GTCATTATTC AAACGGCTTA AATTAACCTT ATTATAATGA TTCGTTAACG	2220
	GACTTTGATG CGTTTCAATA AAATGCCCTT CTTGTTGGCT AATATCGAGC GCATGTAACA	2280
10	CAGATTTATG TACATTTCTT GCCATTAAAGA TATCGCCTTT TTTCTGTGAA AAAGACTGGA	2340
	TGACAGATAA TATTCTCTGAA GTGGTGCCAT TCACTAAGAA ATAAGCATCA TAATCTGAAT	2400
	GTTTCTCCAC CTGCTTCATA CTTTCCAAAA TGACTTCTTC AGGATGATGT AAATCAnCTn	2460
15	AATCCAGGTA TTTTCACTTTT ATCCATTGTC ATTGATAATT GAGATAAATG ACCGATAGTC	2520
	ATATTTTTAT GACCCGGAAC ATGCAAAGAA ATCGCTTCTT CTTGATTTAA ACTTTCTAAT	2580
	TTATTTAAAA TAGGTTGCTT CATGATATAC GCTTCCTTTA TTTACACTGT TTTGGAATTA	2640
20	GTTACTTTCA AAAGTATTAA TTATATAGTA ACACTTCTTT GACAAAAGTT AGTGTTACTT	2700
	ATGCAATAGC TTGTCTATTG TATAATAATT AATTTCTTTT TTGTACTTCG ATTTAAAAGA	2760
	TATTAGACAT AAAATCTAAA AACAGCAGTA AGATGATTTA TGATTAAAAA CTATCTTACT	2820
25	GCTGTTCACT TTTTATAATA CTTCTGAATG TCTTCACTTA TACTTCTAGT CACAGATTTA	2880
	AATAATCAAA AGTGCACATT ATTAATAATAT CAATTTTACA CTCAATGCGG CTCATCGCAT	2940
	TCATTTCTTG TCTAGCAACG TTCTACTCTA GCGGAACGTA AGTTAGCTAC CATCCTCGCT	3000
30	AAGAACCTTT CTTGACTTGT GACAATCGCT TGCTTCTTTC CTCTCCTTCG GCTCTCGCTT	3060
	ACTCATTTAG CTCTACTAAA CTCGTTGCGC TCTTTTCTCG TTTGCTCAGA TTCAAACGTT	3120
35	TTCACTTCGC CAAGCCATTT TTCTTTGTGT TTAATTTTAA TTTTGACGTT TTAGACATAA	3180
	AAAAAGAGAC CTCACGGTCT CAACTGCTT GGCAACGTTT TACTCTAGCG GAACGTAAGT	3240
	TGGCTACCAT CGTCGCTAAA GACCTTTCTT GACTTGTGAC AATCGCTTGC TTCTTTCTTC	3300
40	TCCTTCGGCT CTCGCTTACT CATTAGCTC TACTAACTC GTTGCGCTCT TTTCTCGTTT	3360
	CGTCAGATTC AAACGTTTTT ACTTCGCCAA GCCATTTTTT TTTGTGTTTA CTTTTATTTT	3420
	TGACGTTTTA GTCATAAAAA AAAGAGACCT TGCGGTCTCA ATGCGGCTCA TCGCATCCAT	3480
45	TTTTTGCTTG GCAACGTTCT ACTCTAGCGG AACGTAAGTT GGCTACCATC GwCGCTAAgA	3540
	aCCTTTCTTG ACTTGTGACA ATCGCTTGCT TCTTTCCTCT YCTTCGGCTC TCGCTTACTC	3600
	ATTTAGCTCT ACTAACTCG TTGCGCTCTT TTCTCGTTTC GTCAGATTCA AACGTTTTCA	3660
50	CTTCGCCAAG CCATTTTTCT TTGTGTTTGC TTTTTATTTT GACGTTTTAG ACATAAAAAA	3720
	AAGAGACCTT GCGGTCTCAA TGCGGCTCAT CGCATCCATT TTTTGCCTGG CAACGTTCTA	3780

55

	TTATTAATAC ACTATTTTAA GTATCTCTAA TTGATGATTG TATTATAGAA TTAAAATTGA	300
	TGGAATGCAT CAACTGGCAT AACAAATACA GTAGCACCGC CAACTTCAAC TTCAACTGGA	360
5	TATGGAATGT ACGAATCCGC ACTGCCTCCC ATAGGTGTAA TAGGTGAAAC CAACTGTTCT	420
	CTATTACCAC ACGTTTGATT AATCACAGAC AATATTTTCAT CTACACGGTC ATCATTGACA	480
	CCACATAAGA ATGTTGTATT ACCCGCTCTT AAAAAACCCAC CTGTTGTTGC CAATTTTGTT	540
10	GCTCTAAAGT TATTTTTTAAAC AAGTTGATCT GCAAGTTCCT GACTATCTTG ATCTTGACG	600
	ATCGCTATAA TCATTTTCAT TTTATAACAC CTCTTCTAAC AATTATATCA TATCTTTTCT	660
	AAATATTTGA TGATAGTTTG ATACGTGTCT TCAACAACAT TTTCAAGAGG TTGATCTGCA	720
15	TTAACGCTTT TGAACCGTTG TGATTCATTA TGAATGATTT CTTGGTAACC TTCAATTACT	780
	TTTTCGTGAA CTTTAAATCT TCTTGATCTA ATCTATTTTG ATCTCTTGAA TTTTAAATAA	840
20	TACGTTTCGG ACCTACTTCA GCACTAACAT TAAATAAAT CGTCAAGTCT GGATATAATC	900
	CATTTATTGC AAATTCGTTT AATGCTCTTA CTCTTCAAC GCCAATCCCT CTAGCATAAC	960
	CTTGATAAGC TAATGAACTA TCGATATAGC GATCACACAA CACAACCTTA CCTTCTTTTA	1020
25	AAGCTGGTAT GACCTTTAAT ACAAGATGTT CTCTTCTAGA TGCAGCAAAT AACATTGcTT	1080
	CaGtCtTAAT GTCCATATCA TTGCCcTTCT AATACAATTT TACGTATTTTc TTCACCAGTA	1140
	GGAACACCAC CTGGTTCTCT AGTCATAATG ACATCATAAT CTTTTACTAA TCTATGGTAA	1200
30	ACTTCATTAA TTACAGTTGT TTTCCAGAG CCTTCTGGGC CCTCAAAAGT TATAAAAGCT	1260
	GACATTTTAT TCATCCTCAA CTAAAATTTT ATTATTTTAA ATTCCTTCAA CTATCATTCC	1320
	AGTTTCCAGA TATTCATTTA CCAATTCTAT CATATTTTCA GTTATTGTTT CTCCTTTGAA	1380
35	AATAATAGGA ATcCCTGGcG GATACGGGAC AATATGTGCG GCCAGAACTT TACCTTTgCC	1440
	TTTTCAAATC ACACCAAGTA ACATATTCAA AGCGTTTTGG TTTATAGTTA CCTTCAGTyG	1500
40	TTAAAAGTTG TGTTTGTTTA ACTTTAGAAA CTGATTTTTT CGGTAAAATC ATATCTTCAA	1560
	TTTTACGTAA AAGCGAATCA AATAAATACG TATCATCATG ATGCCATAAC GGCAATATCG	1620
	CTAATGCTTG ATAGTCGTCC GCTAATTCTA AATAGATATG TGCATTcATA AACCAATTTT	1680
45	GAATATCATG ACCTGTAAAA CCTTCATATT TTATCAGCAA CTTCAACGGA TCATCAACTT	1740
	GAAGCATTTTc AAAACCCTTC TTCTCCAAAC ATTcGATTAA TTGCGCTCTC TTATCAAAAA	1800
	ACACGGTACT ATCATATGTT TTATAGAACT CGGCAGCTGA CTCTAAACTA GCCATAATCA	1860
50	AATACGAAGG ACTAGATGTT TGGAAGTAGC TTAGATATTC TATAATAGTT TCTCTATAAG	1920
	GTGCATTTTTT ATGAATATAA AGTACCGAGC CCATCGTTAA AGCTGGTAAC GTTTTTATGAA	1980

55



TGTATCAACT GTCAAACGAT CACGTAATAA ATAGACGATT AACATTGcTG CTAAAGCACA 2100  
 AAGTGACTCA GCAATTAATA ATGACCAAAT GACACCTGTT AGTCCAAACA AAGCATTTCAT 2160  
 5 AATAAATAAT ACTGGAATGA TAATTGCACC TTGTAAAATG GCCATAATTG TAGCACCACG 2220  
 ACCTTGCCCA GTCGCTTGAA GCATACCAGT AAACAAGAAA CCTATACCAT TTAATAATAA 2280  
 TGATGCCATT GTTACTTTCA AAATAAATGt CGCCATCTCA ACAATGGCTT GATCAGTAGT 2340  
 10 AAATAGTCCG ACCATATGAT GTCCAATTGT AAATACAGCA CTCATACATA CAACAAAGAT 2400  
 AACGCCGATA GACATGATAA CTGCTTTGAT AACGTCTTTC ATACGGCCTT TATTTGCCAT 2460  
 AAAGTTATAT GCAATTAGTG GTACAACACC TTCACATAAT CCCATGATAA TAAGTTCTGG 2520  
 15 aAATTGCACA AGTCTAAATG AGATACCATA ACTTGCaATC GCGAAGTTTC CATAATGTGC 2580  
 TAAAAATAAA TTTAAAACTA ATCCTGTGAA TCCCATTAAG ATACTCATT AAAATGCAGG 2640  
 AATACCGATT TTAAAGATTT CAGAAAGCAT TTCTTTATTA GGTTCGCAA GTTTAATATT 2700  
 AACTGACACA ACGTCACTAT TTTTCATAAA ATAAATGATA AAGAACAGAG CAGCAGCAAC 2760  
 ATTACTGATT GCAGTACCCA AAGCTGcACC AACAACGTTT aAATCAAAAC CAAAAATTAA 2820  
 25 AATTGGATCT AAAATAATAT TTAAGCCTAC ACTAGCTAAC ATACCAATCA TAGAAACCAT 2880  
 TGGTGCCCCA ATTGCACGTG CAAATTGTTT TAATATGAAG AACAAAATTA CAAAAGGTGC 2940  
 ACTTAAAAAC ATTACTTTCA AATAATTACT TGTTAAAGCT AACGTTTCAC CTCTCGCCCC 3000  
 30 TAAAAATTGCT GCGATTTGAT CACTGAATGG TAAAGTAACT AAAATCACGA TAAGTCCTAG 3060  
 TGCAATACCA CCATAAATAG AGAACTACT TACAAATTTA CTCTTAmTAT AGTCTTTTCGC 3120  
 ACCTAATAAA CGTGAAATAT AAGTTCCTGC ACCAACGCCA AATAAATTAC CTAACCCCAT 3180  
 35 T 3181

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 301:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4029 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 301:

TCATCACCTT CAAATAAATA GGCATGCGAT AATTTATTTG AATGATATGC ATTCGTCAAT 60  
 50 TGTGCTGTT CATCCATTCA TTACAACTC CCTTTTGCTT TTATATAAAA AGGTTGCCAA 120  
 AGAGCAACTA ATTACTGCAA CAATAGCGAC CATGATTGTG GATTATTTTT AGAACCACAA 180

	TGCTGTTTCC ATCGCATATG GATTTAGTAA GTTCTTTATG GGTACTGTAA gTGATCGGAG	300
	CAATGCTCGG ATATTCTTAG TTCTTGGATT AGCACTCACT GCTATCGTCA ATTTGTTAAT	360
5	GGGATTTGTA CCGTTCTTTA CATCAGGTAT CGGTATTATG TTTGTCCTAT TATTCTTAAA	420
	TGGATGGTTT CAAGGTATGG GCTGGCCACC TTCAGGCCGT GTTCTCGTTC ACTGGTTTATG	480
	TGTAAGTGAA CGCGGAAGTA AGACTGCCCT TTGGAACGTT GCGCATAATG TTGGTGGAGG	540
10	TATTATGGCA CCTATTGCTG CTTGGGGTAT TACAACAACT GCATTTATCA ACTTTGGTTA	600
	TTTAAAAGGT TTCGAAGGTG TATTCATTTA CCCTGCACTC TTAGCACTTA TCATTGCCGC	660
	AATTTTCATAC GTATTGATTA GAGACACACC TCAATCTCAA GGTTTACCTC CAATCGAAAT	720
15	TTATAAAAAT GACTTTGCTA CAAGCGATAA GAAAACATTA GAAACAGAAT TAACTACAAA	780
	AGAAATTTTA TTTAAATATG TACTGAACAA TAAATGGGTA TGGGCAATTG CCTTTGCAAA	840
20	TATATTTGTT TATTTTCGTGC GTTATGGTGT ACTTGATTGG GCGCCAGTCT ACTTAAGTGA	900
	AGAAAAACAT TTCGACTTAA AAGCATCAGG TTGGGCATAC TTCTTATACG AATGGGCTGG	960
	AATTCCTGGT ACATTATTAT GTGGTTACAT TTCTGATAAA TTATTCAAAG GTCGTCGTGG	1020
25	ACCTGCAGGT TTCTTCTTTA TGTTAGGTGT CACAGTATTT GTATTAATTT ATTGGTTAAA	1080
	TCCTCCAGGC AATGCTTGGT TAGACAATGT CTCATTAATT GCCATTGGTT TCTTAATATA	1140
	TGGACCAGTT ATGTTAATTG GTTTACAAGC ATTAGATTAT GTACCTAAAA AAGCAGCTGG	1200
30	CACAgcAGCT GGATTAACAG GATTATTTGG TTATCTGTTT GGTGCTGTAA TGGCCAACAT	1260
	CGTCTTAGGT GCTGTAGTTG ATAAATTCGG ATGGGATGTC GGTTTTATTT TATTAAACAGC	1320
	AATTAGTGTG TTTGCAATGT TGAGCTTTAT CCTCACTTGG AATAAAGTAG GACAAGAAAC	1380
35	CGTTCATCAT TAAATGATAA AAAATAAAGT CATATGGTTA TCTTATCGAA AGATGATATA	1440
	TTCACTCTCTT ATAAGTTCAA CCATATGACT TTTTATTAGT ATTCAAAAAA ATATTTACAT	1500
	TGCCACTTTT GTGTTTGCCC TGCTGTTTTA TTCAATTGAT TACACCACTT AGGATAAACT	1560
40	CTAAAAGCCA TTTTCCCTTG ATACTTAGAT GAAGCTAAGA TACCTTTTTT TACCAATAAT	1620
	TCCCTAGGAA ATAGAAAGTA GCCATTTAAT TCATCATCGA TAACAGCAAC AATCAGGTAA	1680
45	TCAGCAAACT CTTCAATTTT GTATGGCCGA TTATAATTAT CctCGTCTTT TGTCCAACAT	1740
	GTCACGAAAT ATCCCGATTT AGTCGGTGTT TTCTTAGCTA ACCTACTTTG ATATGTTTCC	1800
	TCTTTAAAGC TAAATGTAA TGCyTCGTAA TCTTGATTAT ATTTTCTTC AGTTAAATCT	1860
50	TTAACTTCTG ATTCTTCACT AAAAATATTT TTCAACAGTA TTTTAGATTT ACACATATGC	1920
	CAATCTCACT TTATTTTTTC ATAATCGTAT CATATATTTA TTTTTTTCGA AAAATACACT	1980

GTATTCGTGG TTGTGACGTA TTTATTATTC AACCAACATC ATATCCTGTG AATCTACATT 3600  
 TAATGGAATT ATTAATTATG ATTGATGCTT GTAAACGTGC TTCTGCAGCA ACAATCAATA 3660  
 5 TTGTAGTGCC ATATTATGGA TATGCAAGAC AAGATAGAAA AGCCCGTAGC CGTGAGCCAA 3720  
 TCACTGCTAA ATTAGTTGCA AACTTAATCG AAACAGctGG CGCAACTCGT ATGATTGCGT 3780  
 TAGACTTACA TGCACCACAA ATTCAAGGAT TCTTTGATAT TCCAATTGAC CACTTAATGG 3840  
 10 GTGTGCCAAT TCTTGCTAAA CATTTCAAAG ATGATCCGAA TATTAACCCA GAAGAATGTG 3900  
 TCGTTGTTcA CCAGACCATG GCGGsnTTAC ACGTGCACGT AAATTAGCTG ACATTTTAAA 3960  
 AACTCCAATT GCAATTATAG ATAAACGTGC TCCTAGACCA AATGTTGCTG AAGTGATGAA 4020  
 15 CATTGTTGGT GAGATTGAAG GACGTACGGC AATTATTATT GACGATATTA TTGATACAGC 4080  
 AGGTACAATC ACTTTAGCTG CACAAGCATT AAAAGATAAA GGTGCTAAAG AAGTATATGC 4140  
 20 TTGTTGTACA CACCCTGTTT TATCAGGACC GGCTAAAGAA CGTATCGAAA ATTCTGCTAT 4200  
 AAAAGAATTA ATCGTAACAA ACTCAATTCA TTTAGATGAA GATCGCAAAC CATCTAACAC 4260  
 TAAAGAATTA TCTGTTGCTG GTTTAATCGC ACAAGCTATC ATTCGTGTAT ACGAAAGAGA 4320  
 25 ATCAGTTAGC GTATTATTTG ACTAATATTT AAAAGGCGTT TGACGAACAT ATTCCAAACG 4380  
 TGTATAATAG TTTTCGTTCTG GATTATACGA ATAAATAAAC ACTTGCAAGC AACGATGATG 4440  
 TTGATGGGTA AGTGAGGTGC TCGTTTTGAG CAAAATGAA AGGTGGAAAT GAGAATGGCT 4500  
 30 TCATTAAAGT CAATCATCCG TCAAGGTAAA CAAACACGTT CAGATCTTAA ACAATTAAGA 4560  
 AAATCTGGTA AAGTACCAGC AGTAGTATAC GGTTACGGTA CTAAAAACGT GTCAGTTAAA 4620  
 GTTGATGAAG TAGAATTCAT CAAAGTTATC CGTGAAGTAG GTCGTAACGG TGTTATCGAA 4680  
 35 TTAGGCGTTG GTTCTAAAC TATCAAAGTT ATGGTTGC 4718

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 300:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3181 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 300:

AAAATGCATA TAAATACATA TTAAGGAGGA TTTTATGAAT TTTCTTAAAC CTGCAAAGCA 60  
 50 TATTAAGCCT TTGCCAGAAA ATCAGATAGA TGATACCTAT AAACGATTAC GTCTCCAAGT 120  
 ATTTCTTGGT ATTTTCATCG GTTACGCTGG GTACTATTTA TTACGTAAAA ACTTTTCGTT 180

	TGaTGCTCGT	ATTTTTGAAG	TAAGAAAAAA	GTTGTTTTTA	AAATTACAAC	GAATTAAAAA	1800
	CAATGCCTTT	TATATGTTGA	AAGAGTATTG	CaGATTAAAT	TaTAATAATG	ACGAaGgTAA	1860
5	AATTTAATGG	GGGTTAATGT	TCATGCGAAG	ACACGCGATA	ATTTTGGCAG	CAGGTAAAGG	1920
	CACAAGAATG	AAATCTAAAA	AGTATAAAGT	GCTACACGAG	GTTGCTGGGA	AACCTATGGT	1980
	CGAACATGTA	TTGGAAAGTG	TGAAAGGCTC	TGGTGTGCAT	CAAGTTGTAA	CCATCGTAGG	2040
10	ACATGGTGCT	GAAAGTGTA	AAGGACATTT	AGGCGAGCGT	TCTTTATACA	GTTTTCAAGA	2100
	GGAACAACTC	GGTACTGCGC	ATGCaTGCAA	ATGGCGAAAT	CACACTTAGA	AGACAAGGAA	2160
	GGTACGACAA	TCGTTGTATG	TGGTGACACA	CCGCTCATCA	CAAAGGAAAC	ATTAGTAACA	2220
15	TTGATTGCGC	ATCACGAGGA	TGCTAATGCT	CAAGCAACTG	TATTATCTGC	ATCGATTCAA	2280
	CAACCATATG	GATACGGAAG	AATCGTTCGA	AATGCGTCAG	GTCTTTTAGA	ACGCATAGTT	2340
20	GAAGAGAAAG	ATGCAACGCA	AGCTGAAAAG	GATATTAATG	AAATTAGTTC	AGGTATTTTT	2400
	GCGTTTAATA	ATAAACGTT	GTTTGAAAAA	TTAACACAAG	TGAAAAATGA	TAATGCGCAA	2460
	GGTGAATATT	ACCTCCCTGa	TGTATTGTCG	TTAATTTTAA	ATGATGGCGG	CATCGTAGAA	2520
25	GTCTATCGTA	CCAATGATGT	TGAAGAAATC	ATGGGTGTAA	ATGATCGTGT	AATGCTTAGT	2580
	CAGGCTGAGA	AGGCGATGCA	ACGTCGTACG	AATCATTATC	ACATGCTAAA	TGGTGTGACA	2640
	ATCATCGATC	CTGACAGCAC	TTATATTGGT	CCAGACGTTA	CAATTGGTAG	TGATACAGTC	2700
30	ATTGAACCAG	GCGTACGAAT	TAATGGTCGT	ACAGAAATTG	GCGAAGATGT	TGTTATTGGT	2760
	CAGTACTCTG	AAATTAACAA	TAGTACGATT	GAAAATGGTG	CATGTATTCA	ACAGTCTGTT	2820
	GTTAATGATG	CTAGCGTAGG	AGCGAATACT	AAGGTCGGAC	CGTTTGCGCA	ATTGAGACCA	2880
35	GGCGCGCAAT	TAGGTGCAGA	TGTAAAGGTT	GGAAATTTTG	TAGAAATTAA	AAAAGCAGAT	2940
	CTTAAAGATG	GTGCCAAGGT	TTCACATTTA	AGTTATATTG	GCGATGCTGT	AATTGGCGAA	3000
	CGTACTAATA	TTGGTTGCGG	AACGATTACA	GTAACTATG	ATGGTGAAAA	TAAATTTAAA	3060
40	AcTATCGTCG	GCAAAGATTC	ATTTGTAGGT	TGCAATGTTA	ATTTAGTAGC	ACCTGTAACA	3120
	ATTGGTGATG	ATGTATTGGT	GGCAGCTGGT	TCCACAATCA	CAGATGACGT	ACCAAATGAC	3180
45	AGTTTAGCTG	TGGCAAGAGC	AAGACAAACA	ACAAAAGAAG	GATATAGGAA	ATAATCATTT	3240
	ACGTATTTAA	AATGGCTAGG	ATAAAAGGAT	AATCCTATGT	AATATTAATG	TAATCTTTAT	3300
	GATTTAATGA	TTCGCATAGT	AATGGAGTTA	CATyTTATAT	ATAATAGTAA	TTGCGTAAGT	3360
50	AAATAATTGG	AGGACTATAA	ATGTTAAATA	ATGAATATAA	GAATTCGTCA	TTAAAGATTT	3420
	TTTCATTGAA	AGGAAACGAA	GCATTAGCGC	AAGAAGTTGC	TGACCAAGTA	GGAATTGAAC	3480

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 299:

5	ACCTCCGAAT AATTGATTCC ATTAACTTTT TTTGTGAAAA AtTTAAACAG GCGAAGTCTT	60
	CAATAAGTGA AGATGTCCAA ATTATAAAAA ATACATTCCA AAAAGAAAAG TTAGGTACAG	120
	TAATTACTAC ycTGGCGCAA GTGGTGGTGT TACGTATAAA CCAATGATGA GTAAAGAAGA	180
10	GGCGACTGAA GTTGTTAATG AGGTCATTAC TCTATTAGAA GAGAAAGAAC GTTTGTTAcC	240
	TGGCGGATAT TTATTTTTAT CAGATTTGGT AGGTAATCCA TCGCTACTAA ACAAAGTTGG	300
	TAAGTTAATT GCCAGTATTT ACATGGAAGA AAAATTAGAT GCTGTTGTTA CCATTGCGAC	360
15	AAAAGGTATT TCATTGGCAA ATGCGGTTGC TAATATTTTA AATTTACCAG TAGTAGTGAT	420
	TAGAAAAGAC AACAAGGTGA CTGAAGGTTT TACAGTTTCA ATTAATTACG TTTCAGGATC	480
	TTCAAGAAAA ATAGAAACAA TGGTACTTTC GAAGAGAACT TTAGCAGAAA ATTCAAATGT	540
20	TTTAGTTGTC GATGATTTTA TGAGGGCTGG TGGCTCTATT AATGGTGTTA TGAATTTAAT	600
	GAATGAGTTT AAAGCCCATG TAAAAGGGGT ATCAGTACTT GTAGAATCAA AAGAAGTTAA	660
	ACAAAGATTG ATTGAAGATT ATACTTCCTT AGTGAAATTA TCTGATGTAG ATGAATATAA	720
25	TCaAGAGTTT AACGTAGAAC CTGGCAACAG TTTATCTAAG TTTTCATAAA AGGAGTTTTTA	780
	GTATTATGAA AATCATTAAAC ACAACAAGAT TACCGGAAGC ACTTGGACCA TATTCGCATG	840
	CAACAGTTGT GAATGGTATG GTTTATACTT CTGGTCAGAT TCCATTGAAT ATTGATGGAC	900
30	ATATCGTAAG CGCTGATGTT CAAGCACAGA CAAAACAAGT TTTAGAAAAT TTAAAGGTTG	960
	TTTTGGAAGA AGCAGGATCT GATTTGAATT CTGTTGCGAA AGCGACCATT TTCATTAAAG	1020
35	ATATGAATGA TTTCCAAAAA ATAAATGAAG TGTATGGTCA ATATTTTAAT GAACACAAGC	1080
	CAGCGCGTAG TTGTGTAGAG GTTGCGCGTT TGCCAAAAGA TGTGAAAGTA GAAATTGAAT	1140
	TAGTAAGTAA AATTAAGGAA TTATAATTTT CGATTAATAT GTTTAATCAA GCTTCTAAAT	1200
40	AAAACAGAGA GATATATACT ATAGGGGGGC TCACTACATG AAAGTGACAG ATGTAAGACT	1260
	TAGAAAAATA CAAACAGATG GACGAATGAA AGCACTCGTT TCCATTACAT TAGATGAAGC	1320
	TTTCGTAATT CATGATTTAC GTGTAATTGA AGGAAACTCT GGCTTGTTTCG TTGCAATGCC	1380
45	AAGTAAACGT ACACCAGATG GTGAATTCCG CGACATCGcg CATCCTATTA ATTCAGATAT	1440
	GAGACAAGAA ATTCAAGATG CAGTGATGAA AGTATATGAT GAAACAGATG AAGTAGTACC	1500
	AGATAAAAAC GCTACATCAG AAGATTCAGA AGAAGCTTAA TCAATTTTAT ATTTAGCGAT	1560
50	GTAATACATT TGCAATAAGT TGATTTGATA CTGTGATAA AGCATAAAGC TTTGTCGGCA	1620
	GTTTTTTTAG TTTGTATTAA TGTTTTTTTA TTTTAAATGA AAGGCTAATA AATATATACG	1680

55

TATTGCAAGC ATTAATCGGA GCTGCTGCTG TTATTTGGCA AAAAAACGAT TACGTTTTAG 2760  
 cATTGCACTT TGGTATATCA TTAATCAGTT TCTCATCTGT ATTTTAAATA ACATTGATTA 2820  
 5 TTTTCTCTAT AGATCAAAAA TATGAAGCTG ACGAATTATA TATCAAAAAAG CCATTAAGAC 2880  
 GTTTAACATG GTTAATGGCA ATCATCATTT ATTGTGGTGT TTATACTGGT GCACTAGTGa 2940  
 GACATGCGGA TGCAAGTTTA GCATATGGTG GTTGGCCATT GCCATTACCA CGATCTTGTA 3000  
 10 CCACATTCAG GAACAAGATT GGGTTCAACT CACGCATCGT ATCAnGGTCn nTTAA 3055

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 298:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 748 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 298:

TTCTTATTTA AAGAAGTCAT TTTTAGAAAT TGTGAGACT TTAAAAAATG ATCCGTATAA 60  
 25 AATAACACAA TCTTTTGAAA AATTAGAGCC TAAATATTTA GAGCGATATT CAAGAAGAAT 120  
 TAACCATCAG CACAGGGTCG TCTATACCGT AGATGATCGA AATAAAGAAG TATTAATACT 180  
 ATCGGCATGG TCACATTATG ATTAATGAAT ATTCAATATC TGAATAACTT TAATGATAAG 240  
 30 TTAATTAAAG AACTAGTAT TTAAGTGTAG GGAAAATAGC GACGTTAATG CGTTGTTATC 300  
 TCTACACTTT TTAATTTTAT AATAGCGCAA GACTAAACAG ATTGAAATTA GTAACAATAA 360  
 AAGAATAACG TATTATAATA AGGAATTTTA AATTGTGACT TTTTCGGAAT ATTAAATTTT 420  
 35 AGAAATATGA GGTTTTTAAG CGGATTCCTC ACAAATTTT AAAAATATTT AAGCCTGAAA 480  
 ATGATAAAGC GGTAGGGAAC GTTTTTCTGA AaGTTAGTGA TACAATAGTT TTAAGTTGAA 540  
 ATACAGGAGG ATGAATAACA TGAATCAGTC AGTCAAATTA CTTAAACATT TAACAGATGT 600  
 40 AAACGGCATT GCTGGTTATG AAATGCAAGT TAAAGAAGCA ATGCGTaACT ATATAGAGCC 660  
 TGTCAGTGAT CaAATTATTG AAGATAACTT GGGTGGCATT TTTGGAAAGA AAAATGCTGA 720  
 45 GAATGGTCAA TACTCAATTA TGGAnTTC 748

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 299:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4718 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

	TAACATTTTT GTGTTTATTT ATTTCCCTTT TCCAAATAAG TCTCCAACCA ATGGCAATTA	960
	AAATTGCACT AATGACAATA CATGTCGTAC TAATCGTTGG TAAAATTGGA ACGCCCATAT	1020
5	TTTTCATCCT AACTTAATTA ATCTAGATCA AAGTAAGTAA TGAAACAATC ACAGCTAACA	1080
	CGAAAAAGAT CACTAAATAA TTTAGTGAAT ATATAAACAT TTGTGTTGCC CATTGTTT	1140
10	GATCTGAATT TTTCTTAAAT GTTGTTAAAC CTAATGCAAT CCATCCTAAA TTTAATAAGG	1200
	TrGCTAACAC TaCGAATACG ACACCTAAAT TTATTAGTAA TAAAGGTACT GGCAATAAAA	1260
	TAATCAACCA GATAAACATA CTGACACGTG TACGTTTAAA GCCCTTAACT GATGGTAACA	1320
15	TTGGAATATT TGCAAGTGCA TATTCATCTT TACGTTTAAAT AGCTAAGGcA TAAAAATGAA	1380
	TTGGtTGCCA AcmAAATACA ACTAAAAACA GCGCAATCGC TGTTAAACTA ATTTGTCCTT	1440
	CAATTGCAAC CCATCCAATT AGTGGTGGTA CTGCTCCAGG AAAACTCCCA ATCACTGTGT	1500
20	TCCATGTTGT ATGTCTTTTA GACCATATTG AGTAATAAGA CACATAACCT ACAATCCCCA	1560
	TAAGACCAAG TACGCCTGAT GGTATATTCA ATAAAAACAA ACAAATTTCT CCAACTAACA	1620
	TCATACCAA ACTTAATAGT AATAAATTTT GATCTGTAAT TCTATTATTT ACAGTTGGTC	1680
25	TATTTTGTTT ACTAGGCATA ATACGATCAA TATCTTGGTC GTAATAATTA TTTAACGCAC	1740
	ATGCGCCACC CATAATTAAA GTAGATCCAA ATAGCATTAA TAAAATTTGA GGTATTGATG	1800
	ATAAGAAGGA ATGATTTGTC ATTACAACCTG CTAGCCATGC GCcCGCAAAA GCCGGAATTA	1860
30	AGTTACCTTG AACAAAGTCCC ATTTTAATTA TCTGTTGCAA TTCTTTGAAG TTAACCTGTC	1920
	TAATATTTTG TGACmAGTA TGCTCTTTGC TCATAATCCC CCTCCTTAAA TTTGTTTATA	1980
35	TAAGATTATG ATATCTTAGA TTGCATAAAA AGACTAGGTT TAATAAAATT AAATTGTGAC	2040
	AAATTAACGA CAAGAGAAAA TGTCAATTTT GTGACACAAA TAACATTTAA TTTATTGCTA	2100
	TAATGTATAT GTTAGAAAAAT TTTAATAAGT AGAATCATGC ATCTAAAAGA GATTAATATT	2160
40	TAAGCTTCAA ATTTGAGTAA ACGTGGATTA CATAATTATC CCAATAAAAA AATCATTACG	2220
	ATTAAGTTCT TTTATGTCG TCCACATACA ATACTTGTA AATTAAATCA TATTCCTGTC	2280
	GTGGATCCC ATCTTTTCAT ATCCTACAAT CAGGTCTATT TATAGTATCA TCTCAAATCC	2340
45	GGCTATTAAT TCTAATTCTC AGTGATGCGT TTTTTTATGA TGGGGTGAT AAATTGTTTG	2400
	GCAAAAAGAA TTTAAATGG TTAGGTGTCG TAGCAACGTT AATGATGACA TTTGTACAAC	2460
	TTGGTGGAGC CTTAGTTACC AAAACCGGAT CAGCTGATGG TTGTGGTTCT TCTTGGCCAC	2520
50	TATGTCATGG TGCGTTGATT CCAGAATTCT TTCCTATTGA TACGATTATT GAGTTAAGTC	2580
	ATAGAGCCGT TTCAGCTTTG TCTTTATTAA TGGTCTTATG GTTAGTTATC ACTGCATGGA	2640

55

TAAGTGGTAT TACAGATTTA TCTATTA ACT CAATCGATGT TTAAACAGGC CTAGACACAG 1140  
 TGAAAATCTG TACAGCTTAT GAATTAGACG GTAAAGAAAT TACTGAGTAC CCAGCAA ACT 1200  
 5 TAGATCAATT AAAACGTTGT AAACCAATCT TTGAAGAGTT ACCAGGTTGG ACAGAAGACG 1260  
 TAACAAATGT GCGTACTTTA GAAGAATTAC CTGAAAATGC ACGTAAATAT TTAGAGCGTA 1320  
 TTTTCAAGATT ATGTAATGTA CAAATTTCTA TCTTCTCAGT TGGTCCAGAT AGAGAACAAA 1380  
 10 CAAACCTATT AAAAGAATTG TGGTAGAACT TTATATAAGT CATACACAAT GATTATAAAT 1440  
 ACATGAGCCT TCTATCTTTA TTGGTAGGAG GCTTTTGTTA TGCTTGCTTC TGTATCGATT 1500  
 CGATTATTTA GATAAAAAAT ACTAACGTAA AGGCGATATT TGCTAGTCAT AATTTAGAAG 1560  
 15 rTTAgATGAt AtTtAACGAA AAtTAaGATG anATACTTGA ATGGTAA 1607

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 297:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3055 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 297:

TTAGAAGTAA GCACTTTAAT ATCTTTACCT ACCCATGTAC CAACACCTTC TTTAGGCTTT 60  
 30 GGATTTTCAG CATGGTTATT TGATTTATTC ACCTGTTTAC ATCTATTTAC TTTATTACCT 120  
 TTATTCGGGT TCTCTAATAC ATCAAATTTT AATCTCGGTG AATAAAAAAG ATATATTAAA 180  
 AATCCAATA AAAATAATAC ACCGACGACT CTTATAATTA ACTTTTTCAT CAATCAACCA 240  
 35 CCTAAAAAGT ATTAATACTA TTGTAAAAAA CAACACATTA ATTAGCAAAT TTTCAACACT 300  
 GACAFAACTG TGTCGTTTCG ATAAAACAAA ATCATCTTCA GGCATAATTT TAACGTCATA 360  
 AAGATTTTCC CTACACTCTA TATCATAACC TATCTTTATG TTTTCAGGTT GAATTTTATT 420  
 40 ATTAAGATTA AAATATGTAT AAAAAAATGG ACAGTTAAGG TATCAAATGA ATACCATCAA 480  
 CTGTCCGACT ATTCTTCATC AAAAAACCTG ATAAAACAAA TTGCCTTATC AGATTAGTAT 540  
 CATTGTGATA AGCATATTAA TGACCAAATG TTGCTTTAAT CAGTGATGTC GTTTCTCCAC 600  
 CTGGATATAA TACATATAAT AATAAGTAAA CTGCTACACC TGTAAATGCA GTACAGAACC 660  
 ATATAACTGA AGCGAATGGC CCGAATTTGC GGTGTACATT ATATTTATCT TTAAATGCAG 720  
 50 TAATAATTTG AACTAGGCCT AGAATACCAC CAATTGTTGC TAAATTAATG TGGAAAAATA 780  
 AGAAAATCGT ATAATATTTT TTAATTGATG CTGGTCCGCC AAATGCTGTA TTACCGATAA 840



TTGATCGTTT TAAATTTTAT AACAGTAAAG CTCACCCTGA TCTTACCGTT AAAGTGAGAG 2520  
 AAAAGGATAA CATCGTTAAG GGGATAATAT TAGTAAGAGA TGAAAAGATA CATACTAATT 2580  
 5 TTGATGGGGG AATTGGTTCG CCGATAAATA ACGCgATTGA AAATCTTGa TTCgGATATA 2640  
 AAAGrACaAA AGTTGGcAAT GrtTkCtCAT CgGTAAAGTA TATTGATAGA GATAACCATT 2700  
 10 TAAAATTAAA CTTACTTTAT CAAGATTTAG AAATTAAACG TATTGAATTT TTTAGTAAAT 2760  
 AGCTTTAGGT CTTAAAGTW TAAAAACGA ATGAaTAATT TTATTGGGAT GAGTGAC 2817

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 296:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1607 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 296:

TCTGTTAAAA TGATTTTTCT TTTAnAAAGG CCGnAAATCA ATGTTTCGATT nTTATTTGCA 60  
 25 TTATGGTCTC GATATTGGTA GAATATCAAA TGGTTAAATG AGAAAACTT GGAGGTGCTC 120  
 ACATGTCATC AATCGTAGTA GTTGGGACAC AATGGGGAGA CGAAGGAAAA GGAAAAATAA 180  
 CGGATTTCCTT GGcAGAACAG TCAGATGTTA TCGCGCGTTT TTCAGGTGGT AATAATGCAG 240  
 30 GCCATACCAT TCAATTTGGC GGAGAAACAT ATAAATTACA TTTAGTACCA TCTGGTATCT 300  
 TTTACAAAGA CAAATTAGCG GTAATCGGTA ACGGAGTCGT TGTTGATCCA GTTGCACTAT 360  
 35 TGAAAGAATT AGACGGATTA AATGAACGTG GCATTCTAC AAGTAATTTA CGTATATCTA 420  
 ATCGTGCGCA AGTGATTTTA CCATATCACT TAGCACAAGA TGAATATGAA GAACGTTTAC 480  
 gTGGfGACAA TAAGATTGGT ACAACTAAAA AAGGTATCGG TCCAGCATAT GTAGACAAAG 540  
 40 TTCAACGTAT CGGTATTCGT ATGGCAGATT TACTTGAAAA AGAAACATTC GAAAGATTAT 600  
 TAAAATCAAA CATTGAATAT AAACAAGCAT ATTTCAAAGG TATGTTTAAC GAAACATGTC 660  
 CATCATTTGA TGATATCTTT GAAGAATATT ATGCAGCAGG TCAACGTCTA AAAGAATTTG 720  
 45 TAACAGACAC ATCAAAAATC TTAGACGATG CATTGTAGC AGATGAAAAG GTACTTTTCG 780  
 AAGGTGCGCA AGGTGTAATG TTAGATATCG ACCATGGTAC ATATCCATTC GTTACATCAA 840  
 GTAATCCAAT TGCAGGTAAC GTTACTGTTG GTACAGGTGT AGGTCCTACA TTCGTTTCAA 900  
 50 AGGTAATTGG TGTATGTAAA GCTTATACAT CACGTGTTGG TGATGGTCCA TTCCCTACTG 960  
 AATTATTCGA TGAAGATGGA CATCATATTA GAGAGGTTGG TCGTGAATAC GGTACAACAA 1020

	ATTAGATATT TATCCGAAAT ATATTGAAAC ACGTAAAAGT TCATTGCGTG ATACGTA CTT	720
	CAATATAAAT CAAAGAGGTG ATAAATAATG AGAATTTTAA ATTTAGTTAA GTATGATTTT	780
5	TATAGTATAT TTAAaArTCC TTAAACATAT TTAGCGaTAC TAGTCGTATC TAGTTTGATT	840
	GCAACTCAAA GTATACTTAT GGCAAATTCG ATGGATAACC CGAAACATAT TATTGTCTAT	900
	GGATCTGTAT TTGCTGCAGC AAAATGGTTA TTGTTAATAA TTGGATTAAT GTTTGTTGTT	960
10	AAGACAATTA CGCGTGATTT TTCACAAGGT ACAaTTCAAC TATATATGAG TAAAGTTAAA	1020
	ACACGCGTTG GATACATTAT TTCGAAAACA ATTTCAATTa TTTTAATTC AATATTATTT	1080
15	GCATTAATTC ATTATGTGAT TTTGATTGTT GTGCAGGCAT CTAGTAATGG AAAAAATTTG	1140
	GCGTTTTCTA AATATGTAGA TAATTTATGG TTCTTCCTAA TCTTTTTACT ATTCTTTGGC	1200
	TTGTTTTTAT TCTTAATCAC ACTTGCATCA CAAAAAACAG CAATGATATT TTCATTAGGT	1260
20	GTATTTTTAG TACTCATTGT ACCGTTTATT AAACCTTTTA TTACATTTAT CCCAAGATAC	1320
	GGTGAAAAAG TTTTAGATGC TTTTGATTAT ATCCCTTTTG CTTACTTAAC TGATAAAATG	1380
	ATTAGCTCTA ACTTTGATTT TAGCAATTGG CAATGGGTAA TTTCAATTAGG TTCTATAGTG	1440
25	ATATTCTTCA TTTTGAATAT CTTATATGTC GCTAAAAAAG ACATyTAATA AAAATAATTT	1500
	TGAGGTTGGG AATTTTAAAT TTTCCCAACC TCAAAGTTTG TCTTATTGTA AATTTATTTA	1560
	TTTTCTAATT TATTTAGGAT GGAATTATAA ACTGCTTTCC AAAATGAAGC GTCAGTTTTA	1620
30	TAGCGGTTTG ATATAACTAA GTGTGTTTCT TTTTCTAAAT CTGCATAGTC TGGATGATCT	1680
	TTGCTCGGTA ATTTATCAGC ACGAACATCA GTTACAAATT TTTGGACTTC ATTTGCTCTT	1740
35	GGTCCCCAAA CTGTTTCTTG TTCGAATTGA TCATTCAAGA ATACGAAGAT AGGAATTGCA	1800
	CGTGATTTAC CATTGTGTTAA ATATTGATCG ATCAGTTTTG TATCATCATC TCTATGGAAC	1860
	ACGCGTACTT CTAAATTTAA TGCTTCACTG ATGTGTTTTA GAATTGGGAG ATTCATCATT	1920
40	GCATCTCCAC ACCAGTCTTC AGTAATTACT AATACTTTAG AATAATTCAT CTCTTTTATT	1980
	TTTTTGATGC GTGAATCATC TTCTGGTAAC TCAAATGATT GATAGATACT GAGAACGGTA	2040
	TCTTGATTTG TCTTCATTCC ATCAATGTAT TCATTTAAGG GTTGGCTATT TTTGAAATAA	2100
45	GTTTCTAAAT TTGTCATTGT AAAAACCTCC TTTAGCATTT ACAACATTAT ACCAATTTAT	2160
	AGTAATAAAA GGTAATGAAA TAAATTAATT GCAAATTCCT TGTTAATTTT TGTTAAGGAT	2220
	GAAACGGGAA GCACCTTATG CTATATTTAA ATAAGTACAA AGAAAGGGTG ACATCAGTGC	2280
50	GTATTCAAAA TCGCTGGGTT GTGTTTATAT TATTTTAAAT CTGTTCTTTT GGTGTATTAA	2340
	TTGGTTTATA TCAATATCGT CATACGAAAA CTGTGGATTT GTCTAATCTT GAAATAAACG	2400

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 294:

5	TACCACCAAA TAATATATTA GCTGGCATT TAATAACATT TAnATTGTGTC ATGATATCAT	60
	CAATAAAATG TTGAAACTTC GTAATTTCAC CTTCATAATC ATCAATTGCT GCTAATTGCG	120
	CACTCGATGC TTGCTGATCT AAATTTAAAA TATTGACAT GCGTTGACTA TAATAAACTA	180
10	AATGTTCTAT TAAGCCATCG TCACTCTTTT CCTTTGGTGC TGACATGACA GCGATACGTT	240
	TCAAAGGATA GTGTTGCGCC AATTTTAATG TCATTAATCC ACCTAAAGAC ACACCCGTTG	300
	CACTGATAGA TTCATAACCT TCATTGACTA AAAATTGGTA AGCTTTCTCA ACTTCTTCCC	360
15	ACCAATCATC TACATTATAT GTCATGAAAT CTTTCAACAA TAAACCATGA CCTGGATAAT	420
	TCGGTGCCATA ACAACTAAAT CCTTGGTCAT TTAAGTCAGC TGCAAGATGC TTCACATCCC	480
20	GATTTGTACC TGTAATGAA TGTAATAATA ATATCGCATG TCCATTTGTG CCTTTTAAAT	540
	ACGtGGACTC GGTGTTTTAA TTCTCATTTT TctAtATAcC TCCACTAtGT CTAAAGakGT	600
	TkGCTAAACG CGTTGtCGTC GATGATTAA	629

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 295:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2817 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 295:

35	TATGAAAGTA ATGAATGGTA ATATTATTAA ATTTGATGGA AAAGTAGATA TTGATAATGC	60
	AGATFAATATC GGTTTTTTTAA TTGAGCATCC TAAATTATAT GATAATAAAT CAGGATTGTA	120
40	TAACTTGAAA TTATTTGCAC AAGTATTAGG TAAGGGTTTT GATAAAGCAT ACACAGACAA	180
	AATTATAGAT GCATTTGGTA TGAGACCTTA TATTAAAAAG AAAGTTAAGA AATATTCAAT	240
	GGGGATGAAG CAAAAGTTAG CAATTGCAGT ATCTTTArTG AATAAACCTA AATTTTAAAT	300
45	CTTGGATGAG CCTACAAATG GkATGGATCC AGATGGCTCa ATTGATGTGC TGA CTACAAT	360
	TAAGTCTTTA GkAAATGaAC TTGATATGAG AATTCTaATA TCAAGTCATA AGTTAGAAGA	420
	TATTGAATTA ATTTGTGATA GAGCTGTATT TTTAAGAGAC GGnCATTTTTG TTCAAGATGT	480
50	AAACATGGAG GAAGGTGTTG CATCTGACAC AACGATAGTT ACTGTTGATC ATAAAGACTT	540
	TGATAGAACT GAAAAATATC TTGCAGAGCA TTTCCAATTA CAAAATGTcG ACAaAGCAGA	600

(A) LENGTH: 1268 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 293:

10	TGTAATAAAA TTTTATGnAA CATGCTGnGA TGCTACCATG AACCTTCTTC ATTTCTTTAT	60
	GTGAGATTGT GaAATTAATC AAATAATAAT ACGGTGGATA CTTTCCTAAT TTACGATATT	120
	CCATTTCTTG ACGATAAAAT GTTAAATAAT CATTTTTTTG AACATCCAAT ATTGAATAAT	180
15	GATCTGGATT ATACGTTTGA ATGATGACTT GACCTGCCTT TTCATGACGA CCAGCTCTAC	240
	CAGCCACTTG CGTTAATAGT TGATAAGTAC GTTCGCTCGC CCGAAAATCA GGTAATTTTA	300
	ACATTGTATC TGCATTGAGC ACACCAACTA AAGTAATATT TGGATAATCT AATCCTTTTCG	360
20	CAATCATCTG AGTACCTAGT AAAATGTCAC CGTTACCTTT TTCGAATTCA GTCAATAACT	420
	TTTCATGTGC ACCTTTCTTT GAGGTTGTAT CTACATCCAT CCTAATTATG CGCGCATCTT	480
	CAAATTCTTG TTGCAATAGT TCTTCAACTT TCTGAGTACC AGTACCTACT TGTGCAATGT	540
25	GTTCACTCTC ACAATTGGA CATTGATTCG GTGGCGTCTC TTGGTAACCA CAATAGTGAC	600
	ATTTTAATAA GTCTGTCGTT TTATGATACG TTAATGAAAT ATCAGAGTTT GGACATTGCG	660
30	GTACATATCC ACAATCCCGA CATAACATAA ACGATGCATA ACCACGTCGA TTTAAAAATA	720
	AAACAACTTG TTCCTGTGCA TCTAATCTTA ATTGTATGGC TTCACGTAAA TCTTTTGAAA	780
	ACATTGACCG ATTACCTTCA CTCAATTCTT CACGCATGTC TACTATATCA ATTTCAGGTA	840
35	AAGCTTGTG GTTCACTCTG TTTGGTAATG ATAGCAAATG ATAAACGCCT TTTTCAGCTC	900
	GTGCATAACT TTCAAGACAT GGTGTTGCAC TTCCTAAAAT GACTGGACAG TGATGATATT	960
	CAC <sup>T</sup> TCGCCA TTGGGCAATT TCTCTAGCGT GATATCTCGG ATAATCTTCT TGTTTATATG	1020
40	TAGATTCATG TTCTTCATCA ATGATGATTA ACCCTAAATT TTTGAAAGGT GCGAACACAC	1080
	TTGACCTTGC ACCAACACTT ACTCTCGCAC GACCATCCCT AATTTTTTGC CATTTCATCAT	1140
	AACGTTCCCC ATTAGATAAG CCAGAATGTA ATACAGCAAC GTCATCACCA AATCGACGTT	1200
45	TGAAGCGTAA AACCATTGTC GGTGTTAGAG CGATTTCAGG AACTAACATC ATCGCCTGTT	1260
	TTCCTTGG	1268

50

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 294:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 629 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

55

GTCTTAAATA TGAAGGCCTA ACACAGTTTG AGTTTAATAA AGCTTTTCAA AATTATAAGC 1800  
 GAAATCAATA TTACAGTGAA GAGTTGCGCG AATATGTTGa AGAGTACGTA GCTAATGTAG 1860  
 5 AAGAAAAGTA TAACGAGGCT TTGaGTAGAG ATGACGATGT AATAGCTTTA TTTGAAACAA 1920  
 AATTGGATyT AGGTAAATAC GTCCCTGAAT CTTTGGTAY TGGTGATGTC AtTATATTTT 1980  
 10 CAGGTGGTGT ACTTGAAATT ATTGACCTTA AATACGGTAA AGGCATTGAA GTTTCAGCTA 2040  
 TAGATAATC 2049

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 292:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 942 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 292:

ATGATGTTTC TATATTCGTA TTAGGAAAAC CTGTTGGTAT TACAACAAAC GCCCTAAAAT 60  
 25 TACAATACCG CTGCTCCTAT ACCAATTGCA ACAACAGTTT TAACTGAAAT ATCTTGTTTT 120  
 TTCATCTTCA TTA CTCTTt ACATAAAAAA TTCATTATAT TGATGGTGCT TTAGATAAAT 180  
 30 GAATCGTCCA ATCATTTCCA GTACCAATAT GATATAAATC TGAAAATGAG TCTTGATTGA 240  
 CTGCTACACC AATATTTACT AGCGAGTTAA CATAACAAG AGGTTACCC ACATTAACAT 300  
 CTGCAAACGA TCGCGCAAAT TTAATAATAT TTTGATAGAC TTTCTTATCT TGATGATAAA 360  
 35 TTGTTACCAC CAAATTATTA CCATGAACAA TTTCCAAGGA TTTTAAGAAT GCCAATGGAA 420  
 TATTTGTCCA TAATGACCCA AATCTGATAT CAAAATATC AATGCTTCCT GTAACAGAAT 480  
 CCTCATT TTTT TGTCATTCT CTTATTTCTA ATGCCTCAAT ACTATCAACA TTAATTGCCT 540  
 40 GACCGAGACG TTCAAACGCT ATCTTATTTG CAGCTAATCT CGCACCATTG TATGCATAAA 600  
 CATCTCTACC ATGAAAAGTA TGACTTTCTT CCGAATGAGG CAATCGGCTT TTCATTTCAT 660  
 CAATTTGAT AACTTTTTTA ATACCTTCGT AATGTTTAAAT ATGACTTAAA GAACCATTAT 720  
 45 CAGGTGTAAT AATGTAATGA CCTGAATATG TTAAGCAAGC AATGTCCGCC TATCACTACC 780  
 TACACCCGGG TCTACCACTG ATACAAaAc TGTGCCTTTA GGCCAGTATT TTACAGTTTG 840  
 50 ATATAAACGA TATGACGCTA CCCAAATGTC ATACGGTGGT ATATCATGCG TTAAGTTTTC 900  
 AACACGTATA TCATCATTAC AGTATATGCA ACTCCATACA TT 942

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 293:

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 291:

	ngTnCGGnCA GATATATTGG TGGTCTTTAG TAAGTGATC AAATTCATCA GATGTCAAGG	60
5	GCATGTTATC ACCTCCTTAG GTTGATAACA aCATTATACa CGaAAGGAGC ATAAaCAAaT	120
	GAACACAaGA TCAGAAGGAT TGCCTATAGG CGTCCCACAA GTTTCTAGCA AAGCTGATGC	180
	TTCTTCATCC TATTTAACGG AAAAGGAACG TAACTTAGGA GCGGAAATAT TAGAACTTAT	240
10	TAAAAAAAGT GATTACAGCT ACTTAGAAAT AAACAAAGTT TTCTATGCAT TAGATAGAGA	300
	ACTTCAATAC AGGGCGAATA ATAACAACT TTAaCATTa TCTAAAGGAG TGATAGAGAT	360
	GCCAAAAATC ATAATACCAC CAACACCAGA AAACACATAT CGAGGCGAAG AAAAATTTGT	420
15	GAAAAAGTTA TACGCAACAC CTACACAAAT CCATCAATTG TTTGGAGTAT GTAGAAGTAC	480
	AGTATACAAC TGGTTGAAAT ATTACCGTGA AGATAATTa GGTGTAGAAA ATTTATACAT	540
20	TGATTATTCA GCAACGGGAA CATTGATTAA TATTTCTAAA TTAGAAGAGT ATTTGATCAG	600
	AAAGCATAAA AAATGGTATT AGGAGGATTA TCAAATGAGC GACACATATA AAAGCTACCT	660
	ATTAGCAGTG TTGTGCTTCA CGGTCTTAGC GATTGTACTC ATGCCATTGC TGTACTTCAC	720
25	TACAGCATGG TCAATTGCAG GATTCGCAAG TATAGTGACA TTCATATTTT ATAAGGAATA	780
	CTTTTATGAA GAATAAAAAA ACTGCTACTT GTTGGAGCAA GTAACAGTGC AAGATGAGCA	840
	ATTGTCTTAA ATAATTATAT AAGGAGTTAT TAATATGACC TTACAACAAA AAATACTATC	900
30	ACATTTTGCA ACATATGACA ATTTCAATTC TGATGATGTT GTTGAACTT TTGGGATATC	960
	TAAACACAT GCAAAATCCA CACTTTCAA ACTTAAGAAA AAAGGAAAGA TTGCAATGGA	1020
35	AAGTTGGGGT GTCTGGCGTG TTATTGAATC GCAATTGCAT TTAAGTGTAG TCGAACGTAA	1080
	AAAAGAAATT TTAGAAGAAC AATTTGAATT GTTAGCAAGA TTAAATGAAC AAAGTGATGA	1140
	CCCTAGAGAA ATAGAAGAAC GTATCAAGTT AATGATTCGT CTAGCTAACC AATTTTAAGG	1200
40	AGGAGTTAAT CAATGGCAGT ATTAGAAGGT ATTTTGAAG AATTAAAACT ATTAAATAAG	1260
	AACTTACGTG TGTTAAACAC TGAATATCA ACTGTAGATT CATCAATTGT ACAAGAGAAA	1320
	GTAAAGAAG CACCAATGCC AAAAGAAGAA ACAGCTCAAC TGGAATCAAT TGAAGAAGTT	1380
45	AAGGAACTT CTGCTGATTT GACTAAAGAT TATGTTTTAT CAGTAGGAAA AGAGTTCCTT	1440
	AAAAAAGCAG ACACTTCTGA TAAGAAAGAA TTTAGAAATA AACTTAACGA ACTTGGTGCG	1500
	GATAAGCTAT CTACTATCAA AGAAGAGCAT TATGAAAAA TTGTTGATTT TATGAATGCG	1560
50	AGAATAAATG CATGAAGCTA GATCACTCAA ATAGAGCTCA TGCAAAGCTT AGTGCAAGTG	1620
	GAGCAAAACA ATGGCTAAAC TGTCCACCGA GTATTAAGGC AAGTGAAGGT ATTGCAGATA	1680

55

	TTGTTTGATC TGTGTCGCAT AAGCTTCATC AAATAGTACA TCAGTACGTG GAACACCTGT	540
	AGGCACTACA TTTTCTCTT TAATACCAA TGCTTCAGCG TAGAATGGAA TATCGGTTTC	600
5	AGATGATACA TAAGCTTTTG TATAGCTACG ATGATTTAAT GAATCAATAA ATGGTCCACC	660
	CTTTTACCA GTACGACTAA AGCCAACTGT TTTAAAGGCA CCAACGGCAT GCCATACTTG	720
10	AATAACTTCT TGAGAACGTC TAAAACGCAC TGTATAAATC AATGGGTGAA AGTCATCAAC	780
	AAAGATGTAG TCTGCCTTCC CAAGTAAATA TGGCAATCTA AACTTGTCGA TGATGCCACG	840
	TCTATCTGTA ATATTCGCTT TAAAACAGT GTGAATATCA TACTTTTTAT CTAAATTTTG	900
15	ACGTAACATT TCGTTATAGA TGTATTCAAA GTTTCCAGAC ATCGTTGGTC TAGAGTCTGA	960
	TGTGAACAAC ACCGTATTCC CTTTTTTCAT GTGGAAAAAT TTCGTCGTAT TAAATATCGC	1020
	TTTAAAAATA AATTGTCTTG TATTAAATGA TTGTTTGCGG AAATACTTAC GTAATTCTTT	1080
20	ATATTTACGA ACGATATAAA TACTTTTAAC TTCCGGAGTC GTTACAACAA CATCAAGGAC	1140
	AAATTCATTA ACATCGCTAG AAATTTCAGG TGTAACAGTA TAAACCGTTT TCTTCGAAAT	1200
	GCCGCCTTTT CTAAATTCTT TTAGGTAAGT CTGCAATAAG AAATTGATT TACCATTTTG	1260
25	TGTTTCTAAT TCGTTGTATT CTTCTTCTTG TTCTGGCTTT AGATTTTGAT ATGCATCATT	1320
	AATCACATCT GGGTTTAACT GTGCAATATA ATCAAGTTCT TGCTCATTCA CTAATAAGTA	1380
	CTTATCTTCA GGTAAGTAAT AACCATTATC TAAGATAGCT ACATTGAAAC GACAAACGAA	1440
30	TTGATTCCCA TCTATTTTGA CATCATTCGC CTTTATTGTA CGTGTCTCAG TTAAATTTCT	1500
	TAATACAAA TTAATATCTT CTAAATCTAG GTTTTCACTA TGTCCTTCAA CGAATAACTG	1560
35	AACACGTTCC CAATAGATTT TATCTATATA TATCTTACTT TTAACCAACG TTAATTCATC	1620
	CTTTTCTATT TACATAATCC ATTTTAATAC TGTTTACCC CAAGATGTAG ACAGGTCTGC	1680
	TTCAAAAGCT TCTGTAAGAT CATTAAATGT TGCAATTTCA AATTCTTGAC CTTTAAACAA	1740
40	CGCTAATTTA nCTACAATAT CTGGGTATTG AATGTATAAG TCTACAACAT CTTGGAAATC	1800
	TTTTGAACCA CTTGACTAC TACCAATCAA CGTTAGTCCT TTTCCAATA CTAGACGTGT	1860
	ATTAACCTCT ACTGGGAACT CACTTACACC TAACAGTnCA ATGCTTCCTT CTGGTGAAAT	1920
45	GTAATCGATC ATT	1933

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 291:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2049 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

CGCTGGGGCC CAATTTAATT TATCAAGTTC GTTTATTGAC AACCATTCAA TACTCTTATG 1140  
 TTCAGTTAGA GTTGGTAACT CTTTGTTTAA AGTACATTG TATGTTGTTA ACCTAACAAT 1200  
 5 TCCAAAATCA TATTCATGTT CTGTAGTTAT AACTTTGTCT CCAACAATTA AATCACATTT 1260  
 CATTTCTTCT CTAATTTCTC TAATCAAAGC GTCTTTTCA GTTTCATTCT TTTCAACCTT 1320  
 ACnGCCAGGA AATTCCCACA TTAAAGGCAG ACTCATTTTT TCACCTTCTCT GTGCACAAAG 1380  
 10 AATTTTGTGA TCAGAAAAAA TAATAGCTCC TACTACATTG ATTACTTTTT TCATAAGACT 1440  
 CACCCTTCAA TTTAAATCA TCTTAATTGT TATTCTATCA AAAATTACAA AACTATATAT 1500  
 AAATCAATAT TAAAAATTAA TATTTTACAT TCACATGAAC GCTCTACTCC ATGCATTTTC 1560  
 15 ATACACATCT ATTATATAAT ACTTGTGAAA AGTATTGTCT TGGGGCTGTG TTTTTTTACT 1620  
 TTTGGGGCGT ATTTCTTTAT AATTCATTAC ATAAATGTAA GGGCTTTAGT TTTTCATGTTT 1680  
 20 TATTAAGTCT AACTGAGATT TTGAAAGGAT GTTTAGCAAC AATGGATAAA GAATTATGGA 1740  
 TAGAACGAGc TAATGATAGT TTAGTTAAAC ATTTTTATGa GCAGCAATCT GACATTGAAC 1800  
 AGCGAGAAGG TTTTGAAAGT AAATTAACAT TTGGTACTGC GGGTATACGC GGAAAAATTCG 1860  
 25 GTCTTGGTGA AGGTGCACTT AATAAGTTTA CTATTGAAAA ATTGGCATTG GGTTTAGCGC 1920  
 GTTATTTAAA TGCCCAAACA AACAGTCCAA CAATAGTCAT TCATTATGAT ATTAGACATC 1980  
 TTTCcAACTG AATTCGCCC 1999

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 290:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1933 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 35 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 290:

40 GATGACTTTT CCCCCTCATA ATCTTCATGG TCCAGGCGTC CATTAAATGCG TCAAAGGATG 60  
 GCACATTTTA CCTGGAACAA ATGATTCATA TGGTTCATAA AAATCACGCG TCGTAATATA 120  
 45 ATCTTCTAAA TCAAATGCAT AGAAAATCAT TGGCTTTTAA AATACTGCAT ATTCATATAT 180  
 TAAAGATGAA TAGTCACTAA TTAATAAATC TGTTATGAAC AGTATATCAT TAACCTCTCT 240  
 AAAGTCAGAA ACGTCAACAA AATATTGTTT ATGTTTGTCT GCAATATTAA GTCTATTTT 300  
 50 CACAAATGGA TGCATTTTAA ATAATACAAC CGCGTTATTT TTTTCGCAAT ATCTTGCTAA 360  
 ACGTTCAAAA TCAATTTTGA AAAATGGGTA ATGTGCTGTA CCATGACCAC TACCTCTAAA 420

55



CAAACCTGCTC TTTTGTCAAC TCTACGCCCA TAAATATCGT TTAATATATC TGTGCTAAA 2520  
TAAATAGAAG CAAACATGAC ATTACCTAAA GTTGCTGAAA TACCAAAGAT TTCTACAGTT 2580  
5 TTAATCACTT GTATGTTGGC AATGATTGTG CCAATTGCAA CCCATGCAAT TAAACCTTGT 2640  
TTACCAAAAA AGCGATACAT AAGTACCATA AGCACGAACG TTGCAATAAA CGTAACTAGT 2700  
10 CCTAAAATTT CATTATACAT ATTAAAATGT CCTCCTAAAT TTTGATCATG CGGGTGTTTA 2760  
GAAACCGCTC AATAAATAA 2779

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 289:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1999 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 289:

ACTGATGTGC GTTCATCAAA AACAATATAA TCAAATTCAT TTTCATCAAA TGGCTTAAAA 60  
25 TTATCATCTC TAGATAATGT TTGAATGGTT GCAAATAAAT ATTTGGCATC GACATCTCTA 120  
TGTTTTCTCG TCAACAATCC AAAATCACTA TCATTTTTTA TAGGTAATAC TTTTTTAAAT 180  
TCTTCCTTAG CTCTATTTAA AATCCCCTCA TTATGAACAA TAAATAAAAA TTTATTAGGG 240  
30 TTTACTTCTC TAACATCTAA TGCACATAAA ATCGTTTTAC CTGTACCAGT TGCAGATATT 300  
ATTAACGCCT TATCTTTGGC TTTATCCCTA ATAGCTTTTA ATGACCTTAA TGCTTCTGCT 360  
35 TGCATTAAAT TGGGTACAAT TTCCACTGAT TTTTTCACCT TATCAGCTAG CAGCATTGTA 420  
GTTTGTTCAA CCTCCGCTAA TTTTCTAAG GAACGGTACT CAAATGATTC TTTATATGAA 480  
TTAATCCATT GCTCAGTCAG TGGGGTACTC TTTTGCCATA ACAAGTCAAA TTCACTTTTT 540  
40 ACACTATCAA CTAAATCGCC ATTTTTCATA GTAGACAGTA AAACATTATG CTCATAATTA 600  
ACCTTTAACG CATTAGATGT TAAATTAGAG CTTCTTATTA CCATAGAACT ATAATCCTTA 660  
TGCTCAAAAA TATATCCTTT GGCATGGAAT CCAGCAATAT CAGTTAATCT TACCTCTACA 720  
45 TTTTTTAATT TAAGTAATTC TCCATACATT TTAGGACTAT TAAACCCTAA GTAATTAGAT 780  
GTTAATATTT TCCCTTTAAC ACCCTTATTG CTTAAATCTA ATAGTTGAGC CTTTAAGCTG 840  
50 GCTAAACCGC TTTCTGTTAT AAAAGCCACA GAAAAATAAA ACGTTTCACA TTTTGAAGT 900  
TCATCTATAA TTGTTGAAAG AACTTTTTCA TTTTATTAT TACTAAAAG CTTCCGGTGTA 960  
TAATTCCTT TATGAGAAAT ATGTTTGTCT ATAAACCCTT TATGTAAAGA TTGATTGAAA 1020

	AAATAATGGC GAGTCACTCG ATAAAGTTAA ACATACGCCG TTCTTCTTAC CAAAACGTCG	720
	TCGTAAAGAA GATGAAGAAG ATGTGGAAGT TACAAATGAA AACACAGATG AAAAAGTGTT	780
5	GAAAGATAAC GAACATTCAC CACTCTTATT CGCAAAACGA CGCAAAGATA AAGAGGAAGA	840
	TGTTGAAACA ACAACTAGTA TTGAATCTAA AGATGAGGAC GTTCCTTTAT TATTGGCTAA	900
	AAAGAAAAAT CAAAAGATA ACCAATCCAA AGACAAAAG TCAGCATCAA AAAATACTTC	960
10	TAAAAAGGTA GCAGCTAAAA AGAAGAAAAA GAAAGCTAAG AAAAATAAAA AATAATTTGT	1020
	TTCTTTGATA AATAGaGGAG CACCGATTGA CATCACATCA GTCGGTGCTC CTTTTATTTA	1080
	TTCTTTTTTAA TTAATTTATA CAATGCCTGT TGAGCGTGTT GATTGCTTC TTTGTTTGT	1140
15	TCTCTCGGTA TCCATTTAAC AAATAATAAA TCAAAATCTT TTTCAAATAT TTCTATTGTA	1200
	TCAAAATAAG GTTTGAAATT TGCCTTTTTT ACATAACCAG CTTCAATGCT ATCTGCAATT	1260
20	AGCTTTGAGT CTGTATATAA TAGTGCGTTT TGAACATTTA ATTCACGTGC ATGTTCTAGT	1320
	GCATAAATAC ATGCAGCCCA TTCTGCAGTG TGGTTATCCA TTTGCGCTAA CTCATGTGTA	1380
	TATGTATAAT GCTGCTCATC TTCTTTGATT ACAATGGCAC ATGTACTTAT GCCTGGATTT	1440
25	cCTTTCGTCG CAGCATCAAA ATTTATTTTC GCCATAATAA ACCTACTTTC TATTCAATAC	1500
	TTAGTTAAAG TTAATATTAC TGTAATACAA AATATGTTGG GTAATCCATT AAAAAACACG	1560
	CATCACTTAA ATAAGTAACA CGTGTTTAAA ATACTCGCTG ATTCAAAGAT GATTTTCTAA	1620
30	TACGTaACT GTaATATACT TCCTAAAAAA ATCATCTTCA GGCTGGGACA TAAATCAATG	1680
	TTCTATGCTC TACGATGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGA ACGAAAATGC GCTTGTAACA	1740
	AGCTTTTTTC AATTCTAGTC AGGGGCCCCA ACACAGAGAA TTTCGAAAAG AAATTCTACA	1800
35	GGCAATGCGA GTTGGGGTGT GGGTCCCAAC ACAGAAGATG ACGAAAAGTC AGCTTACAAT	1860
	AATGtGCaAG TTTGGGATGG GCCCCAACAA AGAGAAATTG GATTCCCAAT TTCTACAGAC	1920
40	AATGCAAGTT GGGGTGGGAC GACGAAATAA ATTTTGCGAA AATATTATTT CTGTCCCACT	1980
	CCCTTAAAC TTATTCTTTT GTGTAGTAAG TGCCTTAATA GCCTTGATCT AACTTATCAA	2040
	TCTTACCTTT ACGATAAAAT GATTTAGCAA TATATCCAAA TGGTACATTG AAAACTGTTG	2100
45	AAGCTAATTT TAATACGTAC GTTGTAATAA ATATTTCAaa TACAaMTGTa CCAGGTAAAC	2160
	TTCCGATAAA TGCGATAGCT ACAAATAAAG CTGTATCAAT TATTGtGCTT AAAAATGTAC	2220
	TACCATATGg CACGGATGAA AAACGTTTTa TCMGaACTAA ATACTTTTTT AATTAGTGAA	2280
50	AAGATAAATA CATCAATATG TTGACCAATA ATATATGCGA CGATTGAGCC TAAAGCAATG	2340
	CGTGGCACAA CATCAAAGAT TGCCTGTAAT GCTTTTTGTG CCATATCTTC TGGTGCAGGA	2400

55

CATTCCAATT TGCATATTTA AGTTTAATGC aGGAAGAAAA GATAcAAGCA AATCATCAAA 1020  
 TTACACCAGA TTCAATTGGA TTGATACTAG GATTTTTAGT TGAGCGTTTT ATGAACAACC 1080  
 5 AAGAAGAATT ACATATTGTT GATATTGCAA GTGGTGCCGG TCATTTAAGT GCTACTGTAA 1140  
 AAGAAGTGTT ACCTGraAtT GcGGTTATGc ATcATTTaAT TGaAGTTGAt CCAGTTTTAT 1200  
 CACGTGTTAG TGTACATTTA GCAAACCTTCT TAGAAATTCC TTTCGATGTG TATCCTCAAG 1260  
 10 ATGCCATCAT GCCACTACCA TTAGAAGAAG CAGATATCGT TATTGGTGAT TTTCCAGTAG 1320  
 GCTATTATCC AATTGATGAA AGAAGTAAGG AGTTTAAGCT AGGTTTTGAA GAAGGACATA 1380  
 GTTATTCACA TTATTTATTA ATAGAACAAG CAATAAATGC ATTAAAAGAT GCTGGATATG 1440  
 CCTTTCTAGT GGTACCAAGT AATATTTTTTA CAGGTGAACA TGTA AACACAG CTTGAAAAAT 1500  
 ATATTGCAAC AGAGACAGAG ATGCAAGCAT TTTTAAATTT ACCACCAACT TTATTTAAAA 1560  
 20 ATGAAAAAGC GCGAAAATCT ATATTAATTT TACAAAAGAA AAAATCGGGT GaAACAAAGC 1620  
 CAGTTGAAGT ATTATTGGCA AATATTCCTg ATTTCcAAAA TTCCTTCACC AATTTCCAAG 1680  
 GATTTATGGA CAGAGTTAAA ATCCAGTGGG ATGGGACCAC CAAATCGTCC TA 1732  
 25

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 288:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2779 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 288:

AAAAGAACTA GCTAAACGCA AGCAAGAAGC TATTAGTAGA ATTAAAGACT TTTCAAATGA 60  
 AAAAATAAAT AGTATTCGAA ATAGTGAAAT TGGCACAGCT GATGAAAAAC AAGCAGCAAT 120  
 40 GAATCAAATT AACGAAATTG TGCTTGAAAC AATTAGAGAT ATTAATAATG CGCATACATT 180  
 ACAGCAAGTT GAGGCTGCAT TGAACAATGG TATTGCTCGA ATTTGAGCAG TACAAATTGT 240  
 AACATCTGAT CGTGCTAAAC AATCGTCAAG TACTGGAAAT GAATCTAATA GCCATTTAAC 300  
 45 AATTGGTTAT GGAAGTCAA ATCATCCATT TAACAGTTCG ACTATTGGAC ATAAAAAGAA 360  
 ACTTGATGAA GATGATGACA TTGATCCACT TCATATGCGT CACTTTAGTA ATAATTTCCG 420  
 50 TAATGTTATT AAAAACGCTA TTGGTGTGGT GGGTATCTCT GGTTTACTAG CTAGTTTCTG 480  
 GTTCTTCATT GCCAAACGTC GTCGTAAAGA AGATGAAGAG GAAGAATTAG AAATAAGAGA 540  
 TAATAATAAA GATTCAATAA AAGAGACTTT AGACGATACA AACATTTAC CACTTTTATT 600

ATCACTTGAG AACTTTGGTA ATCAATGGCT AGAATGCCTT TAATCGGAGA TGTGCCAATT 420  
 GGTATCAACC ATTTATTAAT GCCTGGAAAT GTATCTGTTG TTGCACCAGC TTGTCTTTCA 480  
 5 TTTTAAATTA CCCAGCTTAA TGCTTGTTCA TGCTGTTGAG TCGTATTATC GATATGGTTT 540  
 TGCAATGGTA TTGTTTTAAT TACTTTTCGAT TGATTGATAA CGTATATAGT AATTGATTGT 600  
 TGCAATAATT GATTAATTTG GTATCCAGCA TTTATTAGTA AGTTTTCAAC TGTATAAGTT 660  
 10 TGTTTAATCG AATCATTAAA TTGAAATAAT AAATCTGTAC GATAAAGTTG CTTTTTAGTA 720  
 ATGGaGTAWT GGAATTTAAT TTGTnTTAAT AAAGCACTCG TTAAAATACT TGTnAAAATG 780  
 CTAACGATAA ATGTAATAGG ATAGTCAAAG CG 812

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 287:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1732 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 287:

ATnnATTATT ATTACTGCTA TTTTAAATTT TAAAAAATGC TTTTGATTAT ATTCAACanT 60  
 TTGTATAAAA TTAAATTTGC TTTTGATTAA AGCATGAAAA TTGTAATCAA ACCATAAATT 120  
 30 GTCGTATGAT GTAGTTAGAA TTTTAAATG CAGGAGGTCa AGTATATGAC TGAAATaACA 180  
 TTCAAAGGTG GACCAATCCA CTTAAAAGGT CAACAAATTA ATGAAGGTGA TTTTGCACCT 240  
 GATTTTACAG TGTTAGATAA TGACTTAAAT CAAGTAACAT TAGCAGATTA TGCTGGTAAA 300  
 AAGAAATTAA TTAgtGTGGT ACCATCAATT GATACAGGTG TTTGTGATCA GCAGACTCGC 360  
 AAATfCAACT CTGATGCTTC TAAAGAAGAG GGGATTGTGC TTACAATTTT AGCAGACTTA 420  
 40 CCATTCGCAC AAAAAAGATG GTGCGCTTCA GCAGGTTTAG ACAATGTCAT TACATTAAGT 480  
 GACCACCGTG ACTTATCATT TGGTGAAAAC TATGGCGTTG TTATGGAAGA ACTTCGCTTA 540  
 TTAGCTCGTG CAGTATTTGT ATTAGATGCA GATAATAAAG TTGTTTATAA AGAAATCGTT 600  
 45 AGTGAAGGTA CTGATTTCCC AGATTTTGAT GCTGCTTTAG CTGCATACAA AAATATTTAA 660  
 TCATTAAAGA GATAAATCTT AAAATGTATA CATCGTGTCC ATCGTTGTCA ACAGCATTAA 720  
 AATAGAATTG TTTTCTATGA TTGCTAAGAC CTATGGGCAC TTTTATTGG AGAGGGACGA 780  
 50 ATATGGCAGA ACAACAAACA ATTATGGAAC GCTTGTTTCA TACATTAGAT GAAAAAGCTA 840  
 AAACATTAAA TAATGAAAT GGCCaAAGTT TTATTGAAAA TCTTGGGCTA GCAATGGAAC 900

(A) LENGTH: 785 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 285:

10	AGTGGTGCAA AGATAGGCAT TGATAATACC GCTAAGCCAG CAAGATGATG GCACGATAAA	60
	ACCTAAACAG AAGAAMATAA ATAGTAATAC GATGATAAAT AATGGTCCAC TCATATGTTG	120
	AACTAAAGAT GATGAAAAGT GTAAGATTGT ATCTGAAATC ATACCTTCAT TCAACACTAA	180
15	ATTAATACCT CGAGCTAAAC CAATAATTAA AGATACACCT ACTAAACTTG ATGCACCATT	240
	GACAAATGCA TCTACAGTTC CTTTTTCTCC CAATCCAGAT TTACCTGTCC CAGCAATAAA	300
	CATTATTATA ATTGTAAATA TTAAAAATGC TGAAGCCATA ACTGGGAACC ACCAACCTTG	360
20	CGTCATAACT CCCCATACCA TAATTGGAAA TGGTAGTACA AATAATGTAA GGATTATCTT	420
	CTTACGCAAA GTAAATGGG CACTATCGTC ATCTTTTAAT ACAGACCATT GCTGTTCAAA	480
25	AGCATCTTTG TCTTCATAAG AATATGACGC TTTAGGATCG TTTTAAATTT TTTTACAGTA	540
	CCAATATAAA TAACTAATAA CAAAAATCGC ACCGACAATA CAAGCACCTA TTCTCCAATA	600
	CAAGCCATCC GTAAAGTTG TACCAGCGGC ATTAGAGGCA ATTACAACCG AGAACGGGTT	660
30	AATAGTTGAA AATGTACTAC CGACAGAGCT GGCAAGGAAT ATGGCACCAA CTGGAAACGA	720
	TAGAATCGTA TCCTAACGCT AATAAATATA GGGACTAAAA TCGGATAAAA TGCTACAGCT	780
	TCTTC	785

35

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 286:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 812 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 286:

45	CTAACGnGAT AAGGTTGCAA nTTTATCTGA ACATCTGATG ACTGTAATTT TGTtAATGAT	60
	AAAATATTTG TCACTAATAG ATATAAATAC TGACTTTCTT GAAAACTATG TACAAGTAAT	120
50	TGTTCTTTT CTATGATAGA CATATCTTTA CTATGTGATA CTAAAATATC TAAATkTCCC	180
	ATAATTGTTG TTAACGGTGT ACGTATGTCA TGCGAAATTG ATCTTAAAAA ATTTGAATGT	240
55	GTCAGTTGAC GTTCAGCCTG TAACATGGAT TCTCTCGTTT GTTTAAGTAA CGTCACATTT	300

	CAAACATCGA AAGTGTAATG CCTGGTTTTG ATTtTTATTT TGTACCTACA GTACTGAACA	600
	GTACAGATGT TGTATTTTCAC AATGGTACAT TATTAGAAGC GCTTAAAACA TATGGACATA	660
5	GTATAGATTT TGAGGAAGTA ATATTTGAAG GGTATGTCGT GTGCAATGCT GATAGCAAAG	720
	TGGCAAAACA TACCAAAGCA AATACAGATT TAACAACAGA AGATTTAGAA GCATATGCCC	780
10	AAATGGTCAA TCATATGTAT CGATTACCGG TTATGTATAT AGAGTATAGT GGCATTTATG	840
	GCGACGTATC AAAGGTTCAA GCTGTCTCAG AACATCTAAC AGAAACGCAA CTTTTTTATG	900
	GTGGCGGTAT TTCCTCAGAA CAACAAGCGA CAGAGATGGC AGCTATTGCA GATACAATTA	960
15	TCGTCGGTGA TATTATTTAT AAAGATATTA AAAAAGCTTT AAAAACAGTA AAAATAAAGG	1020
	AGTCTAGTAA ATGAATGCGT TATTAAATCA TATGAATACA GAGCAAAGTG AAGCTGTAAA	1080
	GACAACAGAA GGACCATTGT TAATTATGGC AGGTGCTGGT TCAGGGAAGA CACGTGTTTT	1140
20	AACACATAGA ATTGCTTATT TATTAGACGA AAAAGATGTC TCACCATACA ATGTTTTGGC	1200
	TATTACTTTT ACAAATAAAG CTGCAAGAGA AATGAAAGAA CGTGTTCAAA AATTAGTAGG	1260
25	TGATCAAGCA GAAGTTATTT GGATGTCAAC ATTCCACTCA ATGTGTGTTC GTATTTTACG	1320
	TCGTGATGCA GATCGAATTG GTATAGAACG CAATTTTACG ATAATTGATC CTACAGACCA	1380
	AAAATCTGTT ATTAAAGACG TCTTAAAAAA TGAAAATATT GATAGTAAAA AGTTTGAACC	1440
30	TCGTATGTTT ATCGGTGCGA TCAGTAATTT GAAAAATGAA CTTAAAACAC CTGCAGATGC	1500
	TCAAAAAGAA GCCACAGATT aTCACTCgCA AwTGGTaGCA ACgGTTTaTA GTgGATATCA	1560
	ACGCCAATTG TCACGTAATG AAGCGTTAGA TTTTGATGAC CTTATTATGA CAACGATTAA	1620
35	CTTATTTGAG CGTGTACCAG AAGTTCTAGA ATATTATCAG AACAAATTCC AATATATTCA	1680
	TGTAGATGAG TATCAAGATA CTAATAAAGC ACAATACACA TTAGTTAAAT TATTAGCAAG	1740
	TAAgTTTAAA AACTTATGTG TTGTAGGTGA CTCAGATCAG TCAATTTATG GTTGGCGTGG	1800
40	TGCTGATATT CAAAATATCT TATCATTTGA AAAAGACTAT CCAGAAGCGA ATACAATCTT	1860
	TTTAGAGCAA AATTATCGTT CGACGAAAAC GATTTTAAAT GCGGCTAACG AAGTGrtTAA	1920
45	AAATAATTCT GAACGTAAGC CAAAAGGACT GTGGACTGCA AATACGAATG GTGAGAAAAT	1980
	TCATTACTAT GAAGCAATGA CGGAACtGAT GAAGCGGAAT TTGTAATACG AGAAATTATG	2040
	AAGCATCAAC GTAATGGTAA GAAATATCAA GATATGGCAA TTTTATATAG AACGAATGCA	2100
50	CAATCACGTG TACTTGAGGA AACATTCATG AAATCTAATA TGCCATACAC AATGGTTGGT	2160
	GGCCAAAAGT TCTATGACCG TAAAGnAATC CAAAGATTTA TT	2202

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 285:

55

CCCAGATATT TGGTATCAAG GTATAATAGA CCAATATACA AAAAGTTCTG CTTTGTGTTGA 600  
 TTTTAGTGAA GTATACGATT CAATAGATT TACACAACCTT GCTGCGAAAA AGTCACTTGT 660  
 5 TGGAAATCAA TCTTCATTTT TTATCTTGAG TGATGAACAA ACGAAAGGTC GTGGGCGATT 720  
 TAATAGACAT TGGAGTTCTT CAAAAGGGCA AGGACTTTGG ATGTCTGTCTG TGTTAAGACC 780  
 10 TAACGTTGCA TTCTCAATGA TATCTAAATT TAATTTATTT ATTGCATTAG GGATAAGAGA 840  
 TGCGATTCAA CATTTTAGTC AAGATGAAGT CAAAGTGAAA TGGCCGAATG ATATATTTAT 900  
 TGATAATGGT AAAGTGTGTG GTTTCTTAAC TGAAATGGTT GCTAATAATG ATGGTATAGA 960  
 15 AGCAATAATA TGTGGTATAG GTATTAATTT GACGCAACAA CTAGAAAACCT TTGATGAAAG 1020  
 TATTAGACAT AGAGCAACAA GTATACAATT ACATGATAAA AATAAATTAG ATAGATATCA 1080  
 ATTTTITAGAG ATATTACTTC AAGAAATTGA AAAAAGATAT AATCAATTTT TAACGTTACC 1140  
 20 TTTTCTGAA ATTCGTGAAG AATATACTGC AGCTTCTAAT ATTTGGAATA GAACGTTGCT 1200  
 ATTTACAGAA AATGATAAAC AGTTTAAAG ACAAGCAATT GATTTAGATT ACGATGGCTA 1260  
 25 TCTAATTGTT AGAGATGAAG CGGGTGAATC ACACCGTTTA ATTAGTGCAG ATATAGATTT 1320  
 TTAACACTAA AGCAAGGAGA GATAGCTATG GGTATGGCAA CCTATGCCGT TGTGGATTG 1380  
 GAAACAACAG GCAACCAATT AGATTTTGAC GATATCATTC A 1421

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 284:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2202 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 284:

CCAAGTTGCC TAAAATGATT AAGCAAGGTT TATACCCTAT GCnAACGATT GAACAAGAAT 60  
 CTGGAGCCAT CCGACTGCCA ACGATTTCTA GAGTGAnGCG TTCATTACAA TGGGGTAATG 120  
 45 ATGCTTATAC AATGATTTTA GATCGTATGA ATATTGAAAC AAATGAATAA TAAATGAACG 180  
 ATAAACAATG GTTATCTATC TGCACTAATA AGGTAGATAA TCATTGTTTT TTCACGAAAA 240  
 AATTTACAGA GTAAAAGAAC TTAAATTTCA TATTAAGTCT TTAGAACTCG ACACTTAAAA 300  
 50 ATGCTATAAT CATATGTATG TTAAAAAAGG AGTTTCGGAA AATGTATGAC ATTAAAAAAT 360  
 GGCGCCATAT TTTTAAATTA GACCCAGCTA AACATATTTT AGATGATGAT TTAGATGCGA 420  
 55 TTTGTATGTC TCAAACAGAT GCAATTATGA TTGGTGGAaC TGATGACGTT ACTGAAGATA 480

GCCGGATTCT CCTGGTGTGC CTGAAGGTAT TGCTAAAAAT ACAATTACAG TTCCATACAA 2100  
 TGATTTAGAT GCACTTAAAA TCGCTTTTCGA AAAATTTGGa AACGATATTG CTGGTGTAAAT 2160  
 5 CGTAGAACCT GTTGCTGGTA ATATGGGTGT CGTACCGCCG ATTGAAGGTT TTTTACAGGG 2220  
 ATTAAGAGAT ATTACGACTG AATACGGCGC ATTGCTAATT TTCGATGAAG TAATGACTGG 2280  
 TTTTACAGTC GGTATCATT GTGCACAAGG TTTCTTTGGT GTGACACCAG ATTTAACTTG 2340  
 10 CTTAGGAAAA GTTATCGGTG GAGGACTACC TGTAGGTGCA TTTGGTGGTA AAAAAGAAAT 2400  
 CATGGATCAT ATAGCACCAT TAGGAAATAT TTATCAAGCG GGTACGTTAT CAGGAAATCC 2460  
 TCTTGCAATG ACAAGTGGTT ATGAAACGTT AAGCCAATTA ACGCCAGAGA CATATGAGTA 2520  
 TTTTAATATG TTAGGCGATA TACTTGAAGA CGGTTTAAAA CGTGTATTTG CTAAACACAA 2580  
 TGTACCAATA ACTGTAAATA GAGCAGGTTT AATGATTGGT TATTTCTTAA ATGAAGGACC 2640  
 20 TGTAACATAAT TTTGAACAAG CGAATAAAAG TGATTTGAAA TTATTTGCAG AAATGTATCG 2700  
 AGAAATGGCA AAAGAAGGTG TGTTTTTACC ACCATCTCAA TTTGAAGGTA CATTCTTATC 2760  
 TACGGCACAC ACGAAAGAAG ATATTGAAAA AACGATTCAA GCATTTGATA CGGCTTTAAG 2820  
 25 TCGTATTGTA AAATAAATAT ACGGACAAAT TGAGAGCCTG AACTTTGTTC AGGCTCnTTT 2880  
 TAAATGTATA TAAGGCATGG GCGGCGACTT GATAGTGAAA GTCCACTACT A 2931

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 283:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1421 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 283:

40 AATTATGAAT GCATTACCAG TATTATTACA AAAGAACAAT TAAAAATGTT TGTTTATGAT 60  
 TATGATACGC ATCTCATTA AAATGTAAaTG GTTGCAGCAG ACGTGTAAAA GGCAATGAT 120  
 ATTCAAGGAC ATGAACCATT AATCGTTAAC CTTCAAACGA TTGATGAAAC ATTACATCGT 180  
 45 TTACCTATGC ATAATAGAAA AGACATGATG GTTAATGGCG GTGTACTTAT GGCACATTTA 240  
 AATGCCAAAA GTGGTCCGTG GTTAAAAGAT GTGCTAAGAC AAATTGAGAT AGCGATTGTA 300  
 50 ACAGGTAAAG TAAGCAACGA AGAACTGAA ATTTTGAAAT GGGTGGATAA TCATGTCAA 360  
 ATATAGTCAA GATGTACTTC AATTACTCTA TAAAAATAAA CCGAATTATA TATCTGGACA 420  
 AAGCATTGCG GAATCACTTA ATATTTACG CACTGCAGTA AAAAAAGTGA TTGACCAATT 480



	AATGAAGTTG TTAAAATAGA TTTATATACT TCAGTGCCTA ACAAACAAAA TATACAAGAT	300
	GTAAAGAAA TGATAGAACA TCAACAAATC GATGCATTAA CATTTCACAG TCGTCGGCA	360
5	GTACGTTATT ATTTTAATGA AGGATTTGTA CCAAATTCAG AGTCGTATTT TGCTATTGGA	420
	GAACAAACAG CACGGACCAT TAAATCATAT CAACAACCAG TAACAATTGC AGAAATTCAA	480
	ACACTCGAAT CACTAATTGA AAAGATTTTA GAAAGTAGGG GCTAAAAATG AAATTTGATA	540
10	GACATAGAAG ATTGAGATCA TCAGCGACAA TGAGAGATAT GGTAGAGAG AATCATGTAA	600
	GAAAAGAAGA TTTAATATAT CCAATTTTTG TAGTTGAAAA AGACGATGTG AAAAAAGAAA	660
15	TTAAGTCATT GCCAGGTGTA TACCAAATCA GTTTGAATTT ACTTGAAAGT GAATTAAAAG	720
	AAGCTTATGA CTTAGGCATA CGTGCCATTA TGTTTTTCGG TGTTCCAAAC TCAAAAGATG	780
	ATATAGGTAC TGGTGCATAC ATTCACGATG GTGTTATTCA ACAGGCAACA CGTATTGCTA	840
20	AAAAATGTA TGATGACTTA TTAATTGTTG CAGACACTTG TTTATGTGAA TATACTGATC	900
	ATGGTCATTG TGGCGTGATT GATGACCATA CACATGACGT TGACAATGAT AAATCATTGC	960
	CACTACTTGT TAAAACAGCA ATTTCTCAAG TGGAAGCTGG TGCTGATATT ATTGCGCCAA	1020
25	GTAATATGAT GGATGGTTTT GTTGCTGAAA TTCGTCGTGG ATTAGATGAA GCCGGCTATT	1080
	ACAATATTCC TATAATGAGT TATGGTGTCA AGTATGCATC AAGTTTCTTT GGACCTTTTA	1140
	GAGATGCAGC AGATTCAGCG CCATCATTTG GGGATAGAAA AACGTATCAG ATGGACCCTG	1200
30	CTAACCGTTT GGAAGCACTT CGTGAATTAG AAAGTGATCT TAAAGAAGGG TGCGACATGA	1260
	TGATTGTAA ACCTGCTCTA AGTTATTTAG ATATAGTTTC AGATGTTAAA AATCATACGA	1320
	ATGTTCCAGT TGTTGCATAT AATGTGAGTG GAGAATATAG TATGACTAAA GCAGCGGCAC	1380
35	AAAATGGTTG GATAGATGAA GAACGTGTCG TTATGGAACA AATGGTTTCA ATGAAACGTG	1440
	CAGGTGCTGA TATGATTATT ACGTATTTTG CAAAGGACAT TTGTCGCTAT TTAGATAAAT	1500
40	AAGGTTTTAT ATTTATGATT TTCCATAAAC TGTAGGAGGA ATTTACTTTA TGAGATATAC	1560
	GAAATCAGAA GAAGCAATGa AGGTTGCTGA AACTTTAATG CCTGGTGGTG TAAATAGTCC	1620
	AGTACGCGCA TTAAATCAG TAGATACACC AGCAATTTTT ATGGATCACG GTAAAGGTTT	1680
45	AAAAATTTAT GATATCGATG GTAACGAGTA TATCGACTAT GTACTAAGTT GGGGACCACT	1740
	TATTTTAGGA CATAGAGACC CTCAAGTTAT TAGTCATTTA CATGAAGCAA TTGATAAAGG	1800
	TACAAGTTTT GGTGCATCAA CATTACTTGA AAATAAATTG GCGCagCTCG TTATTGACCG	1860
50	AGTACCTTCA ATAGAAAAAG TCGGTATGGT GTCATCTGGT ACAGAAGCTA CATTGGATAC	1920
	TTTAAGATTA GCACGTGGTT ATACTGGCAG AAATAAAATT GTGAAATTTG AAGGTTGCTA	1980

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 281:

AGTCAGGTAT ATCATGCCaT yCTGAATTGG TCGATATTAA TATCAGTGGT GTTAAAGAAC 60  
 5 GAATTGTATA CCAATAGACG CTTTATATTG TAAAATAGTA TTAAATGCaG AATAGAGAGG 120  
 AGATTTAATG CGATATGACA AATTATAAAG TTGTCGTTTT AGATATGGAT GACACATTGC 180  
 TAAATTCAGA TAATGTGATA TCAGAAGAAA CTGCAAATTA TTAAACAGCA ATTCAAGATG 240  
 10 AAGGTTATTA TGTTGTTCTA GCATCTGGTA GACCTACTGA AGGTATGATT CCAACTGCTA 300  
 GAGATTTAAA ATTACCTGAA CATCATAGCT ATATTATTAG TTATAACGGT AGTAAAACGA 360  
 TTAACATGAC TAATGAAGAA GTAGAAGTAA GTAAATCGAT TGGTAAGCAA GATTTCGATG 420  
 15 AAATTGTAGA TTATTGTCGA GATAGAGGCT TTTTCGTTCT TACATATCAT GATGGTCAAA 480  
 TTATTTaCGA CAGCGAACAT GAGTATATGA ATATTGAAGC AGAATTAACA GGTTTACCGA 540  
 20 TGAAACGTGT TGATGATATC AAAGCGTATA TTCAAGGCGA TGTACCCAAG GTCATGGGTG 600  
 TAGATTATGT AGCGAATATT ACAGAAGCTA GAATTGATTT GAATGGTGTG TTCAATGATA 660  
 ATGTAGATGC TACGACAAGT AAGCCATTCT TCTTAGAATT TATGGCCAAA GACGTTTCAA 720  
 25 AAGGTAATGC AATTAAAGCG TTATGTCACA AATTGGGATA TTCGGTGGAT CAAGTCATTG 780  
 CTTTTGGTGA TAGTATGAAT GATAAATCAA TGTTTGAAGT CGCAGGTCTA GCTATTGCTA 840  
 TGGGGaATGC ATCAGATGAA CTTAAGCAAT ATGCAAATGA AGTTACGTTG GATCATAATG 900  
 30 AAAATGGTAT TCCACATGCG CTCAAAAAAT TGTTATAAAT TTTAAAATAA GCCTTAACAC 960  
 ATGATATTTG AATAAGATAT CTTGTGGTTA AGGCTTTTTA TTTTGTGAA AATGACTTCA 1020  
 GTTATACTAT GGAGGATTTG AAATACATAT TTTAGATTAG TAATGATATC AAACGAATAG 1080  
 35 AGTAAATGTA TATTTtTGTA ATAAATCAAG TATTAAGTAG TCACGGAAGG nAGATAAAT 1139

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 282:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2931 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 282:

TCTAAAAATG CTGTGAAATT CTTTATAAAA TATCTAAAAG GAATTAATGT TGATAACATT 60  
 50 GCTGTGATAG GAAGTAAGAC AGCGCAATAT TGTGAATCAC TTGGCATTTCG AGTTGATTTT 120  
 AtGCCAAACG ACTTTTCTCA AGAAGGATTT TAAAATCAT TTAATCAAAC TAACCAAAAA 180

	GTTCAATACA GAAAAAATAA ATTTAGATGT TGAAGCATCC TACAATTAAT ACAGATCCAT	60
	TTCAATATAT TTAAACTAAA ATCTCGGGAT TTCTAAATTT TGAAATTTTCG AGGTTTTnAT	120
5	ATTTTTATTT AAAATAGCAC ATTTATACTT TATAATAGTA AAGATGAACA TATAAGGAGG	180
	CCAAATCATG GCAAAACATC CATTGGAACA ATTTAATCTA GAATCTAGTT TAATTGACGC	240
10	TGTGAAAGAC CTTAATTTTG AAAAACCAAC TGAAATTCAG AATCGAATTA TTCCAAGAAT	300
	ACTAAAGAGA ACAAATTTAA TTGGTCAATC TCAAACGGGT ACAGGGAAAT CTCATGCATT	360
	TTTATTACCA TTAATGCAGT TAATTGATAG TGAAATAAAA GAACCACAAG CAATCGTAGT	420
15	TGCACCAACA AGAGAACTTG CACAACAACT ATACGATGCA GCGAACCATT TAAGCCAATT	480
	TAAAGCTGGT GTTTCAGTTA AAGTTTTTAT TGGTGGTACA GATATAGAGA AAGATAGACA	540
	ACGTTGTAAT GCACAACCAC AATTGATTAT AGGCACCCCT ACTAGAATTA ATGACTTAGC	600
20	TAAAACGGGA CATTTACATG TGCACCTAGC ATCATATTTA GTTATTGATG AAGCGGATCT	660
	TATGATTGAC TTAGGATTAA TTGAAGATGT AGATTACATT GCTGCAAGAT TGGAAGATAA	720
	TGCAAATATT GCGGTGTTTA GTGCTACAAT CCCACAACAG TTACAACCAT TTTTAAATAA	780
25	ATATTTAAGT CATCCAGAAT ATGTAGCTGT CGACAGTAAA AAACAAAATA AAAAGAACAT	840
	CGAATTCTAT TTAATACCTA CTAAAGGTGC AGCTAAAGTT GAAAAGACTT TAAATTTAAT	900
	TGATATACTA AATCCATACT TATGTATTAT TTTCTGTAAT AGTAGAGATA ATGCAAATGA	960
30	TTTAGCACGT TCACTAAATG AAGCTGGTAT TAAAGTTGGT ATGATTCATG GTGGCTTAAC	1020
	GCCaCGTgAA CGTAAACAAC AAATGarACG TATACGTAAT TtaGAATTCC aATACGTTAT	1080
35	TGCCaGCGAT TTAGCATCTC GTGGTATTGA TATTGAAGGT GTTAGTCrTG TCATCaATTT	1140
	TGATGTGCCA AATGATATTG ACTTCTTTAC GCATAGAGTC GGACGAACTG GTCGTGGGAA	1200
	TTATTrAGGT GTAGCAATTA CGCTTTATAG TCCTGATGAA GAACACAATA TTTCATTAAT	1260
40	AGAAGATCGC GGTTTTGTAT TCAATACTGT TGATATTAAA GATGGTGAGT TAAAAGAAGT	1320
	TAAAGCGCAC AATCAGCGTC AAGCAAGAAT GCGCAAAGAT GACCATTTAA CTAATCAAGT	1380
	GAAGAACAAA GTTCGAAGTA AAATTAAAAA CAAAGTTAAA CCAGGTTATA AGAAGAAATT	1440
45	TAAACAAGAA	1450

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 281:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1139 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

ACAATTTTTT CTTCATTATT AATAGATTCT ATAGCTTCTA CTACAAGTTG ACGCCAGTCA 3000  
 TCTTTATAAA TATCTTCATT TCTAGTAATT TCCCAATTT GCTCGTCCAC ATCTATGTCC 3060  
 5 GATATATTGT TGAACAAATC CATTAAATCG TTCAATGCCT CAACAGTAAA ACTTTCCCTT 3120  
 TTAAGTGTAT AAGTTAAAAA TGTCCCATTA TTATCAGTTG AAATTAAAAAC TTCAGGTAAT 3180  
 ACAAATGAT TTAGTCCAAA CTCTCGCCAT TCATCATCTG ATTTATGACT TGAAAATTGG 3240  
 10 AACCTCCAA CAACTCGAAG ATGATGTTTC TCAGATTGCG GATGTATAAA TGTGATGTTA 3300  
 TGTTTTAATT TTTCCAGTC TTTAAAAATA GATTGTTTAT TTTTAGAATT ATTTTGAAT 3360  
 AATTGAATTG CTTTGTAGCC AAAATATGAC GTTCGATTAT CATTCAAACG CATATAAAG 3420  
 15 CGATCTCCTG CCTCATTGTC AGTGAGATGA AATAATGTGC TCGGGTCTAG TGAAGTGTAT 3480  
 AATTTCACTT CAACTGAAAC CCATTCCTTT GAGCTGCCAT ATATCTCTTT GACAATATCG 3540  
 20 TCCTCTAATA CGCCCGTAGC CATCCATTTT ACTTCTTTCT TCGTCTTTTT TCACTCATT 3600  
 TTATATTGTA TCATTTTGG ATAATTGTGT TACAAGAATT GCTTAACTT ATCTTGCAAT 3660  
 TTTTCACGTC AATTGACCTT TATGCTACTT TCTATTAAAA TATCTTTGTT ATAAAAAATA 3720  
 25 TGATTTAAAG AGGTTTTGTA TTCAATGAGT AATCAATATC AGCAATATTC TACAGTTAAG 3780  
 AAATATTGGC ATTTAATGCG TCCTCATACA TTAAGTCTT CCGTAGTACC CGTTTTAGTT 3840  
 GGTACAGCAG CATCTAAAAT ATATTTTCTT GGTAGCGAAG ATCATATTAA AATCAGCCTA 3900  
 30 TTCATTGCCA TGTTACTAGC ATGCTTACTT ATTCAAGCAG CAACTAATAT GTTTAATGAA 3960  
 TACTATGATT ATAAAAAAGG CCTCGATGAT CATGAATCTG TAGGCATTGG TGGTGCCATT 4020  
 GTTCGCAACG GTATGAGCCC AGAGCTTGTG CTACGATTAG CCATTGCATT TTACATCTTA 4080  
 35 GCAGCAATAT TAGGTTTGTT TTTAGCTGCT AACTCTTCAT TTTGGTTATT ACCAGTTGGA 4140  
 TTAGTATGTA TGGCTGTTGG TTACCTATAT ACAGGTGGCC CTTTCCCTAT TTCATGGACG 4200  
 CCTTTCGGTG AATTATTCTC AGGCGTATTT ATGGGTATGT TTATTATCGT TATTGCATTC 4260  
 40 TTTATTCAA CTGGCAATAT TCAAAGTTAT GTAATTTGGT TAAGTGTACC TATAGTAATC 4320  
 ACTATCGG 4328

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 280:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1450 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

	TAATTTCTTT ACGCCCTTTT TTCTCTAAGC ATTGCCATTT TTCTAACCAA CTTACGCGAT	1200
	TAACTGTCGT GTCTTCATT AATGACCTAA AGAAATCATT CGCAGAAATC TCATATGAAA	1260
5	TATCTGGCGC TATCGGAAAG ACATCAATCT TATCATTGTT TTGCACTAAT ATTTGAAATG	1320
	CATCAGTTTT CTTTAACCAT TGATTTAACT TTTTAGAAAT CACTGGTTTC CCAACACGAA	1380
10	TTACGAAATC CACATTTAAG TCTAAGCCGC TTCTAAACAG CAAATCATAT GTACAGATAA	1440
	CATTGCGATG ATCAAATTTT CTAAATGAC TTAAAGGATC AGCTAAAATA GGCAAATCAT	1500
	ATATCGTTGA ATACGTTAGT ATTTGATCAA CTTCTTGGTG CTGCATATCC CCTACAATAA	1560
15	TTAAACCTTT TTTCTTATTT AAAATGTGTC TTAATGCCGA TGCATCTATA CTTTTTTGAT	1620
	AGTGCGGTAA AATCTTCATC TCAGAAGTTA ACAATTCTGT TGCATTCAAA TCAGGTGTTA	1680
	ACGGATCTCT AAATGGCAAG TAAAAATGAA TTGGCCCTTT ATGTGGTCCA TATAAATATT	1740
20	GACTAGCAAT TTGCATTTGA TAGTAAATTG CATCAATGGT CTCTTTACTA TCATCCGCAA	1800
	TAGGCATATC GAACTCATAA CTTACATAAT TATTAAACAT ATTTACTTGA TTAATCGCTT	1860
	GTGGTGCGCC TACACTTCTT AATTCATGCG GACGGTCACT TGTTAAAACG ATTAAAGGAA	1920
25	TTCTACTAAT TTGGCTTTCA GCAATTGCAG GCGTATAATT CGCTGCTGCT GTACCTGACG	1980
	TACATAATAT AGCGACAGGT CTTTCACTGC CTTTAATTAA CCCAACTGCA AAAAACGCTG	2040
30	CACTTCGCTC ATCGGGGTGT ATCCATGTTT TAATATTTGG ATGTGCTTCA AATGCAAGTG	2100
	CAAGTGGCGT TGAGCGTGAT CCCGGACTGA TAACTACTTC CCTTACGCCG TACGCATATA	2160
	ACTCAGATGC AAATGTAAAA ACTTGCTTCG TTAAAGCTGC TTTATGATTT CCCATTCATA	2220
35	TCGACTCCTA ATGCATTCAT CATAGGTGTG AACTTAAGGT TCGTTTCTGC CAATTCACTA	2280
	TCTGGATCAG AATCTTTAAC AATGCCACAC CCAGCAAATA AAGTTGCTTG TGCTTTCTTA	2340
	ATAAGCATCG AACGAATTGC AACAAATAAT TCACAATCAT CGTATATATC TATATAGCCA	2400
40	ACCGGTGCAC CATATAATCC TCGCGTACCA AATTCITTCT GCTCAATAAA ATCCATTGCA	2460
	AATTCITTTG GATAGCCACC TAAAGCAGGT GTTGGATGTA AATTATCAAT TAACTAATA	2520
45	TACGAATCAT CCTTCAGTGG CGCCTTTATT TCAGTGATCA AGTGATATAA ATGATCATTT	2580
	TTTAGAATTT TAGGCGTCTT ATCATAATGT AATTCAGTGA TATAAGGTTT AATATCATGT	2640
	AAAATACTGT CAACAACAAA TCGATGTTTC ATTAAGTTTT TATTATCTTT TAAAAATGCT	2700
50	TCAACATTTT TTGTATCTTC GTCCTCATCT TGTGAACGTT TAATTGTACC TGCTACAGCT	2760
	TTAGTCGATA GTATTTTATT ATTGACCTTT ATTAATTGTT CAGGTGTTTG TGAAAAGAAT	2820
55	ATAGAATCTT GTGATTCTAA CAAGAATATA TAACTGTTTT TTTCTTTAGA ATATGCTTGC	2880

TTTACCAGTT AATTTACTAT ATATTTGTGT TGTATATGTC CGTCCCATTT TCCCAACAGT 8340  
 GAATTCCATA ATGAGTAATG GCAACCCAAC AAAAATGGTG AATATTAAGA ACATAGCTAG 8400  
 5 AAAGGCACCG CCGCCATAAA TCCCTGCCAT ATATGGGAAT TTCCACATGG CACCAAGACC 8460  
 GATTGCAGAA CcCGCACTAG CTAAATAAAA TCCAGTTGAT GACTTCCATT GTGATTGTTG 8520  
 TCTTTTCATC ATTCAC 8536

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 279:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 4328 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 279:

GCITTTGGCCA TTTTATGTGG CGATTGAGAC AATCtGtKGT TGTCTTATTT GATGTTGTAT 60  
 TTCAACTGGT AATTCTAGTT GCGATTGAAA TAATGGCAAC TTTTCCCAAT CATTAAACAAA 120  
 25 TAATTCAATA CCTGCTATGT CTAATACTTT AGCACGTGCA TCATCAACAA GACGGCGTTC 180  
 CAATTGATTT GCTTCTTCTT TAATACCTGG TGACGTACTT TCTAATATCA AATTAGATAT 240  
 AGGGATGTGA CCATTAATTG CATAATATAA TGCAACACGC CCACCCATTG AATATCCAAA 300  
 30 CAATGTTATT GATTTATCTT TATATTTATC TAAAATTTCG TCTAACAACG TCGTAATATA 360  
 ATCAAAATTC CACGTTTCAT CCATTGAAGA CTGATCTTCG CCATGGCCTG GTAAGTCTAT 420  
 AGTGATGACA TGATAGTTAT CAGTAAATTT TTCGATGTGA TTATGATAAG TACGGCTGTC 480  
 35 GCTAAGAAAT CCATGCAGAA ATACTAAAAC TTGATTGGTC TCAACGTTTG CTTCATAAAA 540  
 TTTATAATGT GTCATGAATC ATTTCACTCA ATTTCTGGTA TAAAATTTGA TGCTGTTTAA 600  
 40 AGTTATCTTC GCGATTGTTT ATCAATTCAT AAATCGTCGA AGTTTCAGAT AACAATGTGG 660  
 CATTTTTTAAA TTCTGAAACA CTGTAAAAC GTTTAAAATC GAATTGATAT AACTTAGCTG 720  
 TATACTCGAA ATCCAATCCC GTCGGTGTGC CAAACAACCG TTCAAAATAG TCAGTTGCAC 780  
 45 TTTCTTTTTG TGGTAAATAT GAAAAAATAC CGCCACCATC GTTGTTCAAT AATACAATAT 840  
 TCATCTGAAT ATTATTTAAT TTTGACATTA ATAGTCCATT CATATCATGA TAAAATGATA 900  
 AATCACCTAT CAATAATGTT ATTCGTTTAT GCACAGCCAT ACCCAGTGCA GTTGAAACGA 960  
 50 TACCATCAAT ACCATTGCGA CCACGATTCG CATAGACATC TATATTTTTTA TTCAATAACA 1020  
 AGTTATCTAC ATCTCTGATA GGCATACTAT TACTAATAAA TAATGCATCT TTTTCAGATG 1080

55

	ATAATCAATT TGCTGTAATG CTGAAGTCAA TTCGGGTCCC AATGTATGAA AATATGTATC	6540
	CGGATTATGT TCGGATTCAA ATTGATTCAT ATAAACGGCA CCATATTTT CAGCATAGGA	6600
5	ACGTGCAGCT AATTGTGCCC CATGCATACC TTCAGACTGA CTCGTCCTTG AAACCTTCTGC	6660
	ACCAAGCGCT ATCATAATAT TAATCTTTTC TTCTGAAAA CCATACGGCG CAAAGATCTT	6720
	ACATTTCAAA TGATGTCTAT TCGCTGCAAT AGCTAACCTT ATGCCTGTAT TACCAGCAGT	6780
10	CGCTTCAACA ATAGTTTGAC CTGCACGCAC ACGCCCTTCT TGAATTGCCT TCTCTACTAA	6840
	ATATTTCCCG AGTCTGTCTT TAACACTGCC TCCAGGATTC CATTGTTCAA GCTTGGCATA	6900
	AATTTTAACT TTATCATCAC TATAATGTTT TAACAGTACT AATGGTGTAT TGCCaATTAA	6960
15	ATCATAAGTA ATCATAGATG CACCCTCATC TGACATGCCG ATCAAATGAA TGAAACCTTT	7020
	CTTCATGTCT CAATTTTAAAT TCTTACTTTT CAGATAAGAA TTATAAACGA CATTTTGTTA	7080
20	TTTTGCAATT ATCTAAGTTT CGATTAATTC AGAACCAGTA CTAAATTTTC AATTCCAAAC	7140
	AAAAAAACAC CTGAGCAACA CAAATACTTG TGTGTCAGAT GCTTCTATAT ATTAACTAAA	7200
	TAATTGCACG ATAAAGACTA AAATAATAAC GACAGGCATC GCATACTTAA TTAAGTAATA	7260
25	CCAACCACTG AATAATCTAA ATCGATCTTT ACCAAAATAT TGTGTGAATA ATTTTTTATC	7320
	TAATAATTGT CCTACGACAA GCGTAGTACC TAATGCGCCT AATGGCATCA ATACATTCGA	7380
	AACGATGAAA TCCATATTAT CAAAATCGT TCCCGCACC G AATCTTACAT CTTTAAAGAT	7440
30	ACCAAAAGAT AAGGTTGCTG GAATACTAAT GATAAATACT AAAATACTAC CGATCACTGC	7500
	GACTTTTTTA CGTTTTGTAT TGTCATTCTT CGTGAAGTTA GAAACATTTA ATTCTAATAA	7560
	AGAAATAGAT GACGTTAAAG CCGCAAATAA GAACAGCACT AAGAATCCCA AATAGAATAA	7620
35	TGTGCCTAGA TGCATTTGAC TAAAGACCAT TGGCAGTACT TTAAATAATA ATCCAGGCCC	7680
	TTCTTGTGGT TCATAGCCAA AACTATGTAA AGCCGGAAAT ATAGCTAGAC CTGCCAATAC	7740
40	AGATACAAAG ATATTCATAA CAACGATAGA AATAGCTGAT GACTTAATCG TCATGTCTTT	7800
	AGAGGCATAA CTCGCATAAG TAATCATACC TGTAGTTCCT AATGATAACG TAAAGAATGA	7860
	TTGACCTAGC GCAAACAAGA TGCCATCAGC AGTAATCTCT GATACTCTTG GTTGTAATAA	7920
45	AAATTTTACA CCTTCTAAGA CGCCATCTAA TGTTAAAGAC TTAATCACAA TGACGATTAA	7980
	AAAGACAAAC AGCAATGGCA TCATAACTTT CGATGCCTTT TCTAATCCTT TTTCAACACC	8040
	TAACATGACA ATAATCATCG TAGCGAATAT GAATATACCT TGCCCTAGAA CGGTAAACCA	8100
50	AGGATTTGAT ATTACCGCTT CAAAATTCAT TTCTTGAGGA TGATTGATGC GTTGAAATAT	8160
	AACTAATTGC CATAATACTT GTCCGATGTA AATGACAATC CAACCACCGA TAACACTATA	8220

55

	TAAGAGCATT ATATGTAAAA TTGCATATAT CGTCAATACA ATTTGCCGAA TTTTCTAAAA	4740
	AATTAAAAAA TAAGTAATTC ATGTGACAAT GACGAATTGT GAGACTACTA TGACATTTAT	4800
5	CAAATTAAAT CCATAAAAAT GTCCACCAAT CCTCCACAAC GCAATTACTA AATATTAACA	4860
	TCGCACAAAA AAGCACTAGC ATATTCAAGA ACAACAAACG TTGAACCTCAA AATATATGCC	4920
	AGTGCTGCTA TTATTTATAA AGTATCTAGT GCTTGTTTTA AATCATCGAC TAAATCTTCA	4980
10	GTATCTTCAA TACCTACAGA AATTCTTACA AGTCCGTCTG TAATACCTTC TTTAGCTCGA	5040
	ATATCTGCTG GAATGGATGC ATGTGTCATC AATGCAGGTA CTGAAATTAA ACTTTCCACT	5100
	GCACCTAAAC TTTCAGCTAA TGTGTAATAC GATGTTGCTT TAATCAATTG TTTGGCACTT	5160
15	TCTGTATTTT TCACTTCAAA TGCAATCACA CCTGTATGGC CATCCGCTTG AGCCATATGG	5220
	ACATCATGAT TTAAATGACT TTCAATACTT GGATGGAACA CTTGTTGCAC AGCTGGATGT	5280
20	GCTTGTAACA TTTTAATAAT TTCAATAACG CTGCGATTAA TTTGTTCCAT ACGTAAACCT	5340
	AATGTTTTAA TACCCCTCAC AAGTAAATAG CTATCTTGAG GTCCTAAAAT GCCACCTGTT	5400
	GAATTTGAAA TAAATGCTAA ACGTTCTGCA AGCTTGTCAT CCGATGTTGC AACTAAACCA	5460
25	GCAACGACAT CACTATGTCC ACCTAAATAT TTCGTTGCAG AATGTAAGAC AATATCGATA	5520
	CCTAAATCTA ATGGATTCTG ATAATAAGGT GTCATAAATG TGTTATCAAC AACTGAAATC	5580
	AAACCGTGTT CTTTCGCAAT TTCAGCAGAC TTTTTAATGT CAGTAACACG TAATAATGGA	5640
30	TTAGAAGGTG TTTCAATAAA CAACATCTTT GTTGTGGGGC GTATCGCTTG TACAATTGAA	5700
	TCTGTATGCG TTGTATCTAC AAAATCCACT TCAATGCCAA ATCGTGTAAG TACTTTTGTC	5760
	AATGCGCGAT AAGTACCGCC GTATACATCT GAATTTAAAA TAATATGATC TCCTTTGTCC	5820
35	AACAGCATAA CAACTGCACT GATTGCTGCA ACACCTGAAC TAAATGCAAA GCCATGTTTG	5880
	CCATTTTCTA ATGTCGCAAT AACGCTTTCT ACAGAACTTC TTGTTGGATT CGCAGTACGA	5940
40	GAATATTCA? ATCCTTGACG TAAATCACCA ATATCATCTT GTAAATATGT ACTTGTTTGA	6000
	TAAATTGGTG TTGTAACGGC ACCTGTATAA TCGTCTGTTG TGTGCCCACC ATGAATTAAT	6060
	TTAGTTTTCT TGTTCAATTAT TATTCTCCTC ATAATTAAAT ATTTGCTTAG ACATATATCG	6120
45	ATCACTACCA TCTGGAAATA CGACAACAAT CGTACCTTCA GATAATTGCG CTTTTAAATT	6180
	CAATGCACCT TGTAATGCTG CACCTGaAGA ACTGCCTACT AACCAACCCTT CATTTATAGC	6240
	CAAACCTTTG ACATTTTCGAA AGGCATCTTG ATCTTTAATC GTAAATATCC CATCTACAAG	6300
50	ACGTCTCTCT AAAAAATATCG GCCATTTCTC AGAACCGATA CCTTCAGTGT CATGTGCATG	6360
	AGCTGGCCCT CCATTTAACA CGGACCCTTC TGGCTCAACG GCATAACATT GCACGTGATG	6420

55



	AAGTGCTACG ATAAC TAACC CAATCAATCT TTTCATTCTA TCAATTCCTT TCAAAATCTT	2940
	CACTATATAT CATTAATGTC TACGTATGAA TCTAGCTAGA ACATTCCCTA GCGTTTGAAT	3000
5	CACTTGGACA ATAATGACTA ATACAATAAC GGTAATAATA ATGACCGTCG TATCAAATCT	3060
	TTGATAACCA TACTACTAAAG CTAAGTCTCC TATACCACCA CCGCCAACAG CTCCTGCCAT	3120
	CGCCGTACTT CCAATAAGTC CAATAATCGC AGTGGTAATT GCTAATACTA ACGAACCTAA	3180
10	AGCTTCAGGA ATTAAAAAAT ATCTAATGAT TTGTAGTGGT GAAGCGCCCA TCGnTTTCGC	3240
	CGCTTCAATA ATCCCCTCGT CTACTTCCAA TAATGAGTTT TCAACAAGTC TTGCAATGTA	3300
	AGGTGCCACA TATACTGTTA AAGGCACGAT GGCAGCAGTC GTACCAATTG AAGTACCTAC	3360
15	TACTAATTTT GTGAATGGCA CAATCGCAAT TAACAAAATA ATAAATGGTA GTGACCTTAA	3420
	AATATTGATT AAAGGATTTA AAACCTTGATG TACTACTATA TTGGGCCATA TGCCTTGTTT	3480
20	TCGAGTAATT ACCAATAAGA CACCTAATGG AATACCAATC ACTGCTCCTA AAAATAAAGC	3540
	AATAGATACC ATATATAGCG TTTCGTACAA TGCTTGTAAT AACTGTGCAC TGTCTAAATC	3600
	AGAACCAAAC ATATGTTAAT GcACCTCCTC AAATTGAATA TTTTCTCTT TGAAATATTG	3660
25	ATTTATTGCC GTGTCTTCAA ATTGTTGATC CATATTAAAT CGAAGCCACA TATAACATAC	3720
	GGTGTTACCT TGTATTTCTG ACATAGATGA AAATAAAATT TTAACCTCTC TGCCACAAAT	3780
	TTGAATCAAG TCATTTATAA TCGGTTGTGT CACCTGAGTT TCCTCGACGA AGATTTTATA	3840
30	ATCTTTAAAA TCGCCAACCTT GTTCGTCAAT CAATCGACGA ATCAATGATG TACTTGGCTC	3900
	AGTCTGTATA ACTGTAGACA CAAAATTTTG AGCAATCGTC GTTTTAGGAT GACTAAACAC	3960
	CTCTTTAAcA GTTCCTGTTT CAACCACTTT CCCCTTTTCC ATTACAGCAA CACGATTACA	4020
35	AATGTCTTTA ATAACGCGCA TTTCATGTGT AATCATCATA ATTGTAATGC CAAAGGTTTG	4080
	ATTGACATTC TTTAATAACG TCAATATCGA AGCAGTCGTT GCTGGATCCA ATGCGCTTGT	4140
40	TGCTTCATCG CATAGGAGTA TTTTCGGATT AGTAACAAGC GCTCTTGCAA TAGCCACCCT	4200
	TTGCTTCTGC CCACCAGATA ATTCATCAGG AAATTGGTCT TTTTATCAC TCAATCCTAC	4260
	AAATTCAAGC ATTTCCGTTA CTCGTTGCTT AATTTCTGTT TTGCTTTTCT TACTTAAAAT	4320
45	GAGTGGCATT GCTACATTTT TAAATACGGT AGCTGAATTT AATAAATTGA AATGCTGAAA	4380
	TATCATACCG ATATCTTTCT TAATATCCCT CATCATTTTA TCGCTATAAT TCGTAATATC	4440
	ATGTCCATCT ACAATCACTT GTCCATTGCA GGCAGCTTCA AGATGATTCA CGAGTCTTAC	4500
50	CAACGTACTT TTTCCTGCAC CACTATATCC AATCACACCA AAAATATCAT TGCGATTGAC	4560
	CGTAAATGAT ACGTCCTTCA AAGCATCTAT TTTTGTCTT TTTTATTAA AGGTCTTACT	4620

55

GTATTGTAAC CTCTATTGT CGTTGTTGCA GATCCTGAGT TCGTAGATGC aTTACCAGTT 1140  
 ACTTTCAATT TTTGACCCGG ATATATAAAG AAATTATTTA AGCCATTTAA GCTCATAATT 1200  
 5 TTTTGATAAG TTGTACCATA TTTTGATGCA ATTAATGACA ATGAGTCACC TGCTTGTA CT 1260  
 GTATAGTATG ATCCGCCACC TGAGTTCGTT GATGGACGGC TACTATTGCT CGCAGCGTTA 1320  
 CTTGAGCTAG CAGTACCTGA TACTTTTAAT TTTTGACCTG GATAAAATAAA GAAATTATTT 1380  
 10 AAACCATTAA GTCGCATAAT GTTTTGGTAA GTTGTAACAT ATTTTGATGC GATTAATGAT 1440  
 AATGAGTCGC CTGCTTGTA TGTGTAGTAT GATCCGCCAC CTGAGTTCGT TGATGGACGG 1500  
 CTACTATTAC TCGTAGAATT ACTTGAGCCA GATACTTTTA GTACTTGGTT TGGGAAAATT 1560  
 15 AGATTAGATG TTAAATTGTT TAATGACTTT AATTAGCAA TCGAAATCCC ATACTTATTT 1620  
 GAAATTGCCC ACACTGATT CACCGGTTTT ACTGTGTGAG TTGTAGCCGC ATTTGCTTGA 1680  
 20 GTTGCCGCAA CAGCGCTAAT CGCGCTTGTC CCAATAATAG CTGCAATTAC TTTTTTTTGC 1740  
 ACTTTAAAT CCTCCTCTTG CTTAACTTTC CTAACATTCT TTTATCCGAA TTTATGAATA 1800  
 CTACATCATT ATACGATTTT ATTATGTATA ATAGGTTGAT GTTTGATGAC ATTATGaTTA 1860  
 25 CAAAAAATC ATATACTGTA TCATCAAAT TTATAATTAT CCCTTAAAT TATTACAACT 1920  
 TATTAGATTT TACAATATCT AAATTATTAC AATTCATAA TATTTCACTA TAAAATGATT 1980  
 ACAATCCCTT TCTCTATTGG AAATAATTTT ATTCTCCAAC AATAACGCCC TACAAACATA 2040  
 30 AGCATGAACT TTGCTTGTA GACGCAATAT AATTTATTTT GCTAATGACG TTTCTATTGC 2100  
 CTTAATCTCA TCTTTAGATA AATTAACAGG TTTCTCTCCA TCTTTGACAT CTTCTGCAA 2160  
 CGCTTTTTGA GCTTCTTTTG AATGATACAA TTCTACGATT TTAGCATATG TTTGTTATC 2220  
 35 CAAGTCTTTG TCATTAAC TG CAACAATATT AATATATGGC TTTACTGCAT CTGAATTTGA 2280  
 TTTTCTAAA AATATCGGAT CATTTTTAGG ATCTTTACCC GCTTTAGTTG CTACACCGTT 2340  
 40 ATTAATAACT GCAATATCGA CATCAGATAA AGCACGTGCA GTTTGTTGTG CATCTACTGC 2400  
 AGTAATTTTT AAATGTTTTG GATTTGACGT TATATCTTTC ACCGTGCCTG CTAATCCGAA 2460  
 ATCTTTTTTC AGTTTTATTA AACCAGCTGC TTCTAATAGT TTAAGTGCAC GTGCTTGGTT 2520  
 45 TGACACATCA TTTGGAATGA CAACTTTAGC ACCATCTTTA ACCTTTTTGA CATCTTTAAT 2580  
 TTTATCTGAG TAAATGCCCA ACGGTGCTAA AACTGTTGTA CTTAATGCTG AAATCTTTGT 2640  
 TCCTTTATGC GCCTTTTTAT ATTGATCTAA AAATGCAAAA TGTGGAATG CATTCAATC 2700  
 50 AATATACCA TCATTTAATG CTTTATTCGG TAAATTGTAA TCTGAGAAGT GCTTAATCTC 2760  
 CACATCAATA TCATCTTTTT TAGCTAATTC TTTAACCTTC TCCAAGCCT TAGTGTCATT 2820

55

CCAACACTAA AAAATCCATT AACTGGAGAA ATTATTAGTA AAGGTGAATC GAAAGAAGAA 1560  
 ATCACAAAAG ATCCGATTAA TGAATTAACA GAATACGGAC CAGAAACGAT AACACCAGGT 1620  
 5 CATCGAGACG AATTTGATCC GAAGTTACCA ACAGGAGAGA AAGAGGAAGT TCCAGGTAAA 1680  
 CCAGGAATTa AGAATCCAGA AACAGGAGAT GTAGTTAGAC CACCGGTCGA TaGCGTAACA 1740  
 AAATATGGgA CCTGTaAAAG GAGACTCgAT TgTaGGAAAA AGarGAATTc CaTTCaGGAA 1800  
 10 AGAcGTaATT TaTCCTGTTT AGCACCCGGG GCAGAAAAGT TAC 1843

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 278:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 8536 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 278:

TAAACAGCGC GTGTACTTGT GATTCCCCCT TCTTCTATTT TACCCACCCG GGAAATAATA 60  
 25 CTTTTCGCGA TTCCTTACTT GaACAAGCAA TATTTTATCa GCTGTTTCTT CAACTAAACA 120  
 GACACATTTA ATCATCTTTG ACACCCCAAC TTTGTGAAAT CAATTTTTCA AATTATACTG 180  
 TACAATTATG TTATCATATA TGAGTAGTTA TAGCGCAAAA CGTTAGCAAT TCAGCGCACC 240  
 30 CAACTTTTCA TATAACAGA AGATACTAGG GGGAATTATT ATTATGGCAA AACgTTCCAA 300  
 ATCACAACGT TTATCAAGTT TACTAAATGT CGCAGGTTTC ATAGTCGACG GCTACAATGG 360  
 35 CTATAAATAT CATGCTAAAA ATAAAAAATT AGTATATCTT TCATTAGGTT TAAGCACTGT 420  
 AGGAACCGTG TTAGACTTTT ACATTTCAAT TAAGTCACCA CGTAAGTTCA AAAAAGCAGT 480  
 GGCAGTTGTT ACTTTAATAA CAAACGGTGC TAGATTATTT ACAAGCATTC GCAAAGTAAA 540  
 40 ACATGAATAC TAATTCAGAA AAGGATTGGT CGAACATAGA ACATGAAGTT CATTGACCA 600  
 ATCCTTTTTT ATATACAAAA ATTCCTATTA CAACAATCAC GACTTTGATA GCCCCGCCAT 660  
 AAAATTTAGG ATTCAATCCA ACTTTTCAGC TTGTGaAATG TAATAGGaAT TCATTATATA 720  
 45 TTTATATACG TAAGACTTTA GTGAATATAT CTATAATTAT TTAATTGGTA AGCTGGTACC 780  
 GTTCTGTAAG TTAAAATACC TGGTGCAGCT GAATAGTTCA TTTCTGAAAC TAAAATACTA 840  
 CCATCGTTAT TTACACGTTT TACAAACATA ACATGACCAT AGTAACCTAC ATCTGTTTGA 900  
 50 GCGATAGAAC CTACAGTAGG TCTATTGTCG ATAGTGTAAC CATCTGCTGC CGCTGCGTTA 960  
 TCCCAGTTAT TAGCATTCCA CCAATAAGTA CTAATACCTT TACCAATTTT AGCACGACGA 1020

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1843 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 277:

10	AACAAAGACA CAATCGAACA TGAACCATCA GTAAAAGCTG AAGATATATC AAAAAAGGAG	60
	GATACACCAA AAGAAGTAGC TGATGTTGCT GAAGTTCAGC CGAAATCGTC AGTCACTCAT	120
15	AACGCAGAGA CACCTAAGGT TAGAAAAGCT CGTTCGTGTG ATGAAGGCTC TTTTGATATT	180
	ACAAGAGATT CTAAAAATGT AGTTGAATCT ACCCCAATTA CAATTCAAGG TAAAGAACAT	240
	TTTGAAGGTT ACGGAAGTGT TGATATACAA AAAAAACCAA CAGATTTAGG GGTATCAGAG	300
20	GTAACCAGGT TTAATGTTGG TAATGAAAGT AATGGTTTGA TAGGAGCTTT ACAATTAAAA	360
	AATAAAATAG ATTTTAGTAA GGATTTCAT TTTAAAGTTA GAGTGGCAAA TAACCATCAA	420
	TCAAATACCA CAGGTGCTGA TGGTTGGGGG TTCTTATTTA GTAAAGGAAA TGCAGAAGAA	480
25	TATTTAACTA ATGGTGGAAAT CCTTGGGGAT AAAGGTCTGG TAAATTCAGG CGGATTTAAA	540
	ATTGATACTG GATACATTTA TACAAGTTCC ATGGACAAAA CTGAAAAGCA AGCTGGACAA	600
	GGTTATAGAG GATACGGAGC TTTTGTGAAA AATGACAGTT CTGGTAATTC ACAAATGGTT	660
30	GGAGAAAATA TTGATAAATC AAAAACTAAT TTTTAAACT ATGCGGACAA TTCAACTAAT	720
	ACATCAGATG GAAAGTTTCA TGGGCAACGT TTAAATGATG TCATCTTAAC TTATGTTGCT	780
35	TCAACTGGTA AAATGAGAGC AGAATATGCT GGTAAAACTT GGGAGACTTC AATAACAGAT	840
	TTAGGTTTAT CTAAAAATCA GGCATATAAT TTCTTAATTA CATCTAGTCA AAGATGGGGC	900
	CTTAATCAAG GGATAAATGC AAATGGCTGG ATGAGAACTG ACTTGAAAGG TTCAGAGTTT	960
40	ACTTTTACAC CAGAAGCGCC AAAACAATA ACAGAATTAG AAAAAAAGT TGAAGAGATT	1020
	CCATTCAAGA AAGAACGTAA ATTTAATCCG GATTTAGCAC CAGGGACAGA AAAAGTAACA	1080
	AGAGAAGGAC AAAAAGGTGA GAAGACAATA ACGACrCCAA CACTAAAAAA TCCATTAACT	1140
45	GGAGwaATTA TTAGTAAAGG TGAAyCgAAA GAAGAAATCA CAAAAGATCC GATTAATGAA	1200
	TTAACAGAAT ACGGACCAGA AACGATAACA CCAGGTCATC GAGACGAATT TGATCCGAAG	1260
50	TTACCAACAG GAGAGAAAGA GGAAGTTCCA GGTAAACCAG GAATTAAGAA TCCAGAAACA	1320
	GGAGayGTAG TTAGACCACC GGTCGATAGC GTAACAAAAT ATGGACCTGT AAAAGGAGAC	1380
55	TCGATTGTAG AAAAAGAAGA rATTCCATTC rAGAAAGAAC GTAAATTTAA TCCTGATTTA	1440

	TTCTCCCTG TGTGCTTAA TAAAAATAAA AATGCTTTCT CAATATCGAT AGAAAAATTG	3180
	AGAAAGCAAT AGTAGTATTG TTTCTCTCAT CTTCAAAAGT TAAAACTTTA TGTGAATTGG	3240
5	CACCATTTCT ATATAAGACG GTTGCCGGGC TTCGTAGGGC ACATCCCTCC ACCACTCTCG	3300
	ATAAGAGTTT ACGCATCATT TAATTTGTAT TAATCCTAAC ACCTTAGTAA AATTTCTGCA	3360
10	ATAACTATTT TAAATTTTCT AACAAATCAG TCACCGATTT AAATGCATAA ATTCGTTTTA	3420
	CTTCTTTATC TTTATTCATC AACAAATAAA TCGGCGTAGA CATGATTTGC ATATCTTTAC	3480
	AAAACGAGG ATAAAAGTTT AAATCTATTT TCAATAATGG TAACTGCAAT ATTTCAATTAG	3540
15	CAATGTCTAA CATTCTTTCT GaAACCTTAC AAGTACCACA CGTTGGTGTA TAACCAAAGA	3600
	TTAAATGTTT GTCTTCCTCA TAAAATGTAG TTACATCTTT GATGTCTAAT GAATTATTCA	3660
	TTTACTAAAA CTAACCTTTC ATTATTTATA TTCGGTAAAA GAGGTGTTTC TTTCTTACAA	3720
20	GTAAAGCCAT GTTTTGAAAG TACATGCGCC AAATATTGTT TGGGGCAATT CGCAACTTGA	3780
	CAGTAAGTTT TATCAATAAA TATATGTTCA CTTTCACTCA AATAACGTTT AAACCAATTT	3840
	CTAATTCGAT CTCCTTCGTC ATCAGAATCG GCTAATACAA AAACCTGTTT ATCATACAGT	3900
25	GATTCTATCA TATCATCAAG CTTATCTATA CTCATTGTTT CATGAGTACA AATAATATTG	3960
	ACTGGTTCTG CAATAACCTG TTGCACCCTT TTTTATCAG ATTTTCCTTC AACAAATTATC	4020
	ACTTTATTTA CAATAGCCAT CATCATCACC CTTTAAAATC AATAAACATC TGCTACTGTA	4080
30	TCATTTTACA AAATTGGTAT GAATAAAACA TAAATCACAA AAAATTTAAA CTAGCTTAAT	4140
	ATAATAATTA CAAACTCAAT GTTTGACTAG CTGGAACATT TAACATAAGC AGACAAAGGC	4200
35	TAAGTCAAAA ATCAACATCC TAAAATCTAC AATGTTATAT TAACAATAGT TAACCAAAG	4260
	AAAATACACC TATAACAAAC TTTTCAATTA TAGCGGGGCC CCAACACAGA AGCTGATGGT	4320
	AAGTĒAGCTT ACAATAATGT GCAAGTTGGC GGGGCCCAA CATAAAGAAA TACTTTTTCT	4380
40	TTAGAAATTA GTATTTCTTA TGCATGAGTT TTAATCATGT ATTCCTATTT TTAAATACAC	4440
	ATTAGCTGTG GCTTATGAAA ACAGGCTGGG ACATAAATCA ATGTTCTATG CTCTACGAAG	4500
	TTATATTGGC AGTAGTTGAC TGAACGAAAA TGCGCTTGTA ACAAGCTTTT TTCAATTCTA	4560
45	GTCAGGGGCC CCAACACAGA GAATTTGAA AAGAAATTCT ACAGGCAATG CAAGTTGGGG	4620
	ATGGGCCCCA ACAAAGAGAA ATTGGATTCC CAATTTCTAC AGACAATGCA AGTTGGGGTG	4680
	GGACGACGAA ATAAATTTTG CGAAAATATC ATTTATGTCC CACTCCCTAG ATTGATCTAT	4740
50	AGATACTACA CTTATTAAAG TAATATATTT TTATGATTCT CTTAGCTGCA ATCCCATGAA	4800
	TACATGTAAT CATCAAACCT CATAGCCTCA AGGTCAGTAG ATTTCA	4846

55

	TTACCGCAAG CTGCTAATAC AACTGCAAAT GTTAATACTA AAATAAGACC AAATAATTTT	1380
	TTCATAAAAAT GAAACCCCCA ATTTATCGTT TATCAAGTTT ATTTGTAAGC CAATCCCCAA	1440
5	TGAATTGGAT TATAAATACA ATAATTAAAA TAAAACTGT TGATACTAAA ATGACATCAT	1500
	TTTGATTTTCG AGTGAAACCT GTTAAGTATG CTAAATTTCC TAAACCACCG GCACCAATTA	1560
	CACCTGCAAC TGCTGTTGAA CCAACTAAAG CGATTGCTGT AACTGTAATG CCAGACACTA	1620
10	GCGCTGGCAT AGCTTCAGGT AAAAGGACTT TACGAATTAC TGTCCAAGTA TTAGCGCCCA	1680
	TTGACCAAGC CGCTTCGATG ACACCTTTAT CAATTTCTTT AAAAGCAATT TCTACGAGCC	1740
	TTGCATAAAA CGGTGctGCG CCAATGATCA AGGCTGGTAA CGCACCTGTC GGACCACTTA	1800
15	TCGTTCCAAG TATCAAACCT GTAAATGGAA TTAATAATAA AATTAAAATA ATAAATGGTA	1860
	TCGCTCTAAA TAAGTTAACA ATGAAAGAAA CGATAGAATA AAATAACCTT GCACCGATAG	1920
	ACTTACCTTT AGCAGACAAG AATAATAACA CACCTAAAAT AAGACCAAGT ATAAATGCAA	1980
20	ATATAGTTGA GACGACTGTC ATGTATAGTG TTTGACTAT TGCAGTCCAA ACTTCTGGCC	2040
	ACTGAATATT AGGCATTGTA ATCATTTCAT TTATAATTTT ACTAAATGAT TTACCCATGT	2100
	CTTAACACCT CCATTTTAAC TTGTCGCTCA ATTAACCTT TTTTGAATTT TCCGAAATCT	2160
25	ACACTTGAAA TATATGGAAT ATGCAGAACT AAAAAGCCGA CTGTTCCATT TTTTGTATTT	2220
	TTAATATTTG CTTCTAAAAT ATTAATTTTA ATATCATAGG CAGTTGATAG ACTCGATACA	2280
30	ATAGGCTCGG TTGTTGTTGA ACCAGCGAAA ACTAATCTAA CGATATATGC ATCTTTTCT	2340
	AATGGCTCTA ATTCTGTAA AGATGTTTCG AAATCATCAT TTAAATCGTC TTTCACAAAT	2400
	CGTTTTGTCA CAGTGTGTTG CGGATTTTCA AAAACCTGTG TCACCGGTCC TTGTTCTATC	2460
35	ACTTTACCAC TTTCCATAAC TGCAACTTCA TCACAAATAC GACGAATGAC ATGCATTTCA	2520
	TGCGTAATTA GTACAATTGT TAAATTTTGT TGTCTCTTAA TTTTtagTAG TAGATCTAAA	2580
	ATTTcatCTG TTGTTTTCGG ATCAAGTGCA CTTGTTGCCT CATCACAAAG CAAGACCGTT	2640
40	GGATCATTaG TAACGCTCGT GCAATCCCAA CACGTTGCTT TTGTCCACCT GATAACTCTG	2700
	ATGGATAAGC CTTTTCTCTA CCTTTTAAAC CGACGAGTTC GACAAGTTCT AATGCTTTTT	2760
	GCTTAGCTCT CTTCTAGGG ACACCTGCAA TTTCAAGCGG AACATAATA TTTTTTAAAC	2820
45	CAGTCCTTGA CCATAACAAA TTAAATGTT GGAAGATCAT ACTTACTTTT TGTCTTTTTG	2880
	CTCTTAATCC ATTTTTGGAC AATTGACCTA TATGGTCTCC ATCTATAATA ACTTCACCTG	2940
50	ATGTAGGCGC TTCTAAATGA TTAAACATTC GAATCAAAGT ACTTTTTTCT GCTCCAGAAA	3000
	AACCAATGAC GCCATAAATC GATCCTGCTC GAATCGATAA ATTAACGTGA TCTACAGCAA	3060

55

AAAGATGTCA TTAATCAATT GAGAGAGAAA GGATATAAAG TATTTTTTGGC AACAGGACGT 4800  
 TCGCATTCTG AAAATACATC AACTTG 4826

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 276:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4846 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 276:

GAATAAAAAG TAAAATTACT CGCCTTTGTT ACCTTTTACT TTATCAATaA AATCAGTTGC	60
TTTTTCTTTT GCATTTTCAA CGAATTCTTT CGCTTTACCA GAAGCTTTAT CTCCTTACC	120
TTCGTTTTCT AAATTTTAT TATCAGTAAC ATTACCTACT GTTCTTTAA CATTACCTTT	180
TGCTTGTTCA AATTACTTT CGTCTGCCAT AATAAATGCC TCCTCGGAAT AATTAAATGT	240
TATATATAAT ACTTACCCAC TGAAAAATTA TCTAAACATT TTAATTAAAT AATTTTTGAT	300
ATTGATTTGA CGTCATTTTA TAACTAGCGA AATAGATTCA TCATTAACTT GAGGGAGTGG	360
GACTGAAATA ATAAAGAATC ACTAATGATT TATGATGTAT TAGTCACTAG CCATGTGAAA	420
TTAAAAATAA GAATAAATGA GTAGCAGCA TGCATATAGG ATTTTACTTT ATCCGTAATA	480
GCATCTCATT CCTAAATATC ATATAAATAC CTGTTTAAAT TAAAAAGCCC AGCAACATCA	540
CGTTACTGAG CCATTAATAT GATTTATTTA GCAGGAATAA CTGCACCATT GTATTTTTCA	600
TTAATGAAGT CTTGAATATC TTTAGATTGT AATACTTCAA TTAATGCTTT GATTTTCTTA	660
TCATCTTGAT GTCCTTCTTT AACAGCAATT AAGTTTGCAT AAGGATTATC TTTCGCACTT	720
TCTACAGCAA TAGAATCTTT TTTAGGATTT AGTTTTTGTT CGATTGCAA GTTCGAATTA	780
ATGATAACAG CATCAGCGTC TTCATTTTGA TAAATTTTAG GTAAGAATTC TGCTGATTGT	840
TTATTATTAA ACTTAATATC TTTTTTATTC TCTGTAATAT CACTAACTT AGCATCTTCA	900
ATTTTTACGC CTTTTTTGAT TTTAATTAAA CCTGCATCAA CGAAGAATTT TAAGAAACGT	960
CCTTGTTTCA CTGGATTATT AGACACATAG ACTGTTGCAC CTTTTGGTAA TTCTTTTAAA	1020
CTTTTATACT TTTTAGAGTA TACAGCCATA GGTTCTAAGT GAACATCACC GGCACCTACG	1080
ATTTTGTAAC CTTTATCCTT TTTCTCTGTG TTTAAATATG GTGTATGTTG GAAATAGTTT	1140
GCGTCAATTT CACCTTTGTC TAGTAATTTA TTAGGTGTAG TGTAATCGTT AATTGTTTAA	1200
ATATCTAGTT CATAACCTTT TTTCTCTAAT AATGGTTTTG CTTTTTCTAA AATTCAGCA	1260

	TACACGCGGG TCCTGAAATC GCAGTTGCAT CTACAAAAGC ATATACTGCA CAAATTGCAG	3000
	TATTATCAAT CTTGTCTCAA ATCGTTGCAA AAGAGCaTGG TCGTGAAGCA GATATTGATT	3060
5	TATTGAGAGA ATTAGCAAAA GTAACAACAG CAATAGAAGC AATTGTTGAC GATGCACCAA	3120
	TTATGGAACA AATTGCTACA GATTTCTTAG AAACAACACG CAATGCATTC TTTATCGGAC	3180
	GTACTATTGA CTATAACGTA AGTTTAGAAG GTGCGTTAAA ACTTAAAGAA ATTTCTTACA	3240
10	TTCaAGCAGA AGGTTTTGCT GGTGGAGAAC TTAAACATGG TACAATTGCC TTAATCGAAG	3300
	AAGGTACACC AGTTGTAGGT TTAGCAACAC AAGAGAAAGT TAATTTATCA ATTCGTGGTA	3360
	ACGTTAAAGA GGTAGTAGCA CGTGGTGCAC ATCCATGTAT TATTTCTATG GAGGGTCTTG	3420
15	AAAAAGAAGG CGACACTTAT GTCATTCCCTC ATGTACATGA ATTGTTAACG CCATTAGTAT	3480
	CAGTGTTTGC ATTACAATTA ATTTCTACT ATGCAGCATT ACACAGAGAT TTAGATGTTG	3540
20	ATAAACCACG TAACCTTGCT AAATCAGTTA CTGTGGAATA ATTCACTTTT TTAGAATCAA	3600
	TCATGTATTA AAATTAAAGT ATATGGCACC CTTTTAGATT AATCGACTAG AAGGGTGCTT	3660
	TTTTAGGTCG ACTTaGCTTT TACTTCATCT TAATTTGGCA GAAATGCGTa AAAATGAAGT	3720
25	GTTTTATTTA TTAAATAGT CTGACAATTA AGGGTGTTAT GTTAATATGA TTTTATGAGA	3780
	AGTATGGAGT AGCAATAAAG GGGTGACCTC GCATGTTAAT TCAATTAGAT CAAATTGGGC	3840
	GAATGAAGCA AGGAAAAACA ATTTTAAAAA AGATTTCTTG GCAAATTGCT AAAGGTGATA	3900
30	AATGGATATT ATATGGGTTG AATGGTGCTG GCAAGACAAC ACTTCTAAAT ATTTTAAATG	3960
	CGTATGAGCC TGCAACATCT GGAAGTGTTA ACCTTTTCGG TAAATGCCA GGCAAGGTAG	4020
	GGTATTCTGC AGAGACTGTA CGACAACATA TAGGTTTTGT ATCTCATAGT TTAAGTGGAA	4080
35	AGTTTCAAGA GGGTGAAAGA GTAATCGATG TGGTGATAAG CGGTGCCTTT AAATCAATTG	4140
	GTGTATTATCA AGATATTGAT GATGAGATAC GTAATGAAGC ACATCAATTA CTTAAATTAG	4200
	TTGGAATGTC TGCTAAAGCG CAACAATATA TTGGTTATTT ATCTACCGGT GAAAAACAAC	4260
40	GAGTGATGAT TGCACGAGCT TTAATGGGGC AACCCAGGT TTTAATTTTA GATGAGCCAG	4320
	CAGCTGGTTT AGACTTTATT GCACGAGAAT CGTTGTTAAG TATACTTGAC TCATTGTCAG	4380
45	ATTCATATCC AACGCTTGCG ATGATTTATG TGACGCACCTT TATTGAAGAA ATAAGTACTA	4440
	ACTTTTCCAA AATTTTACTG CTAAAAGATG GCCAAAGTAT TCAACAAGGC GCTGTAGAAG	4500
	ACATATTAAC TTCTGAAAAC ATGTCACGAT TTTTCCAGAA AAATGTAGCA GTTCAAAGAT	4560
50	GGAATAATCG ATTTTCTATG GCAATGTAG AGTAAATATT TTGCAAATAA TAAGTAATAA	4620
	TGACAAAATT TAATTAAGAT AAAATGGACA GTGGAGGGCA ATATGGATAA CGTAAAAGCA	4680



	GAGAGGTTAC TTGTTACTCA ATATAAACAA AAATCAACTT TGTCAAAATA AATGTGACAA	1200
	AATTAAATAA AGTGTGATCA ATGTGACAGT ATAGATATTT TGAAAAAGTA AAACAAAAAA	1260
5	ATTGTTTTAG GATTTTTTAA ATTTTATTGT GAAAATATTT GCAAAACAAA ACAACACCGT	1320
	GTACAATAAT GATTAATGGA AAGGGGGAAA GTTCGGCAGT ACAGTTAAAG CGCCTGTGCA	1380
10	AATAAATATT TGTATTGAA GATTAAAGGT TAATATATGA GTGGCCTTTA TAGAGTGCAA	1440
	TATATGTATT TGTAGACGAG GAGGATAGTG ATCGAATAGA TCGGCGGATG CTATCCCGGA	1500
	TGTGGCTCAT TCGTTAGCTT ATTAAGTAAA ACATTAGGGT GACTTAATGG ACAAAGTTAA	1560
15	TAAGATCGCC AGAAATTGAA TATAAAAAAT ATTAATATGG AAAGTACAGT GTGAGCAATT	1620
	TGTATAGTTG TAAAAATAAC TATGCTTAAT TTGTTATGGA TGAATGCGAT GATAGCATGT	1680
	TCCTATTTAT ATTATGAAAG CAGATTGTCA ATCTAAATTA TCGGCAATAA ATCATAATTT	1740
20	ACGCGTACTA TTCCAATATG GAGGAAAATG TCGTTATGTG TGGAATTGTT GGTATATTG	1800
	GCTATGaTAA TGCCAAAGAA TTATTATTAA AAGGTTTAGA AAAATTAGAA TACAGAGGTT	1860
	ATGACTCTGC AGGTATCGCA GTAGTAAATG ATGATAATAC AACTGTATTT AAAGAAAAAG	1920
25	GTCGTATTGC AGAATTACGT AAAGTTGCTG ATAGTAGCGA TTTTGATGGA CCTGTTGGAA	1980
	TCGGTCACAC ACGTTGGGCA ACACACGGTG TACCGAATCA TGAAACTCT CATCCACATC	2040
	AATCATCAAA TGGCCGTTTT ACTCTAGTTC ATAACGGTGT TATTGAAAAC TATGAAGAGT	2100
30	TAAAAGGTGA ATACTTACAA GGTGTATCAT TCATTCAGA AACAGATACA GAAGTTATCG	2160
	TTCAATTAGT TGAATACTTT TCAAATCAAG GACTTTCAAC TGAAGAAGCA TTTACAAAAG	2220
35	TTGTGTCATT ATTACATGGT TCATATGCAT TAGGTTTATT AGATGCTGAA GACAAAGACA	2280
	CAATCTATGT TGCTAAAAAT AAATCACCAT TATTATTAGG TGTGGTGAA GGTTTCAATG	2340
	TTATGCGATC AGACGCACTT GCAATGTTAC AAGTGACAAG CGAATATAAA GAAATCCATG	2400
40	ACCATGAAAT CGTTATTGTT AAAAAAGATG AAGTTATTAT TAAAGATGCA GATGGAAACG	2460
	TTGTAGAACG TGATTCATAT ATTGCTGAAA TTGATGCATC AGATGCTGAA AAAGGTGTTT	2520
	ATGCACACTA CATGTTAAAA GAAATTCATG AACAACCAGC AGTAATGCGT CGTATTATTC	2580
45	AAGAATATCA AGATGCAGAA GGTAACCTGA AAATTGATCA AGACATCATC AATGATGTTA	2640
	AAGAAGCAGA CCGCATTTAC GTTATTGCAG CAGGTACAAG CTACCATGCA GGTTTAGTAG	2700
	GTAAAGAATT TTTAGAAAAA TGGGCTGGCG TACCAACTGA AGTACACGTT GCATCAGAGT	2760
50	TTGTCTACAA CATGCCATTA TTATCTGAAA AACCATTGTT CGTTTATATT TCTCAATCAG	2820
	GTGAAACTGC AGATAGCCGC GCCGTATTAG TTGAAACTAA TAAATTAGGT CATAAATCAT	2880

55

TACCAAATTT ACTTGAAAGT GCAGATATTG TGATTAGTTC AACGAGTGCA CAATCTTATA 1260  
 TCATTACAAA TGAAATGATA GAAAGAATTG CAGAAAATAG AAAGCAAGAT TCACTAGTAT 1320  
 5 TGATTGATAT TGCAGTTCCT CGAGATATTG AACCTGGTAT TAGTGCCATC ACAAACATCT 1380  
 TTAATTATGA TGTGATGAC TTAAGGTT TAGTTGATGC AAACCTTACGT GAGCGACAAT 1440  
 TAGCGGCTGC AACAAATTCG GAACAAATTC CTACAGAAAT ACATGCACAC AATGAG 1496

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 275:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4826 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 275:

CTTGATTTTT TCCCTTTAGT ATTTTCCaTt TGanTGTCGC AGCTTCTAAA TCCTGCTTTG 60  
 GTTCTCTAGT GAACCTCATA ATTAAAGCAG CTACAACGAA TGATACAAGT GCAGCAAGGA 120  
 25 AGACACCGAG TAACATGTGC AAGAATTCAC CTCTAGGTGC ATTTAAACAG TAAACTATAA 180  
 ATGAACCTGG TGACGCGGGA CTTTTAAATC CAAATCCTGT TGCTTGATAA GTTGCAACAC 240  
 CAGTCATTCC ACCTAAAATA ACAGCGATAA ATAATAAAGG ACGCATTAAAT ACATATGGGA 300  
 30 AATAAATTTT ATGAATACCA CCTAAGAAGT GGATAATTCC AGCACCATAT GACGTTGCTT 360  
 TTGCAGTGCC TTTTCCAAAA ATCATATAAG CAAGTAAGAT ACCTAAACCT GGTCCAGGGT 420  
 TAGATTCAAT TGTGTATAAA ATTGATTGAC CAGCTTTTGC AGCTTGATCT GCACCAAGCG 480  
 35 GTGTGAATAC ACCATGGTTA ATCGCATTGT TTAATAATAC AATTTTTGCA GGCTCTACTA 540  
 AAATACTTAC AAGTGGAAGT AGGTGTGCAT GTACTAATGC TTCAACTGCC ACTGATAAAA 600  
 TATGCATAAT AAATTTTATA AGTGGTGCTA AAATTTTAAA TCCTGCAATC GTCATGATAA 660  
 40 ATCCTAAAAT ACCAGCAGAA AAGTTATTAA ATAACATTTT AAAACCTTGC GGCCTTCTAG 720  
 GTTGAATCAA TTGGTCGGTC TTCTTCATTA ACCAACCAAC AAGTGGACCC ATAATCATTG 780  
 45 CACCAAGTAA CATGGGTGTA TCAGGTAATG CAACGATGAC CCCCATAGTT GCTGTTGCTG 840  
 CGATGATACC ACCACGTAAA TCATAAATTA AACGACCACC ACTAAATGCG ATCAATAATG 900  
 GGATTAAATA AGTAATCATT GGTCTGCTA AAGTAGCTAA ATCTTTGTTA GGTAACCATC 960  
 50 CATTATCTAT AAAAATGGCC GCGATAAAAC CCCAAGCGAT GAAAGCGCCA ATGTTTGGCA 1020  
 TGATCATACT ACTTAAGAAT GATCCAAATG CTGAACACG ACGACCAATT CCTTTTTTCT 1080

CGGCACATCT AATTGTCCAC AAAAATAAGA TCGAAAATGT TTATTATCAT AATTGATTT 900  
 TGATTGCGCA TGTCTAACTA AATAAATCGT CATAATATTA CTCCTTACCT TATGTATTTT 960  
 5 ATATCTACCA TAACACTTTG ACTACTAATT CGATATCAAT CTTAATATTC TATTCTAAAA 1020  
 AAAGAATTAA TTCATATnT 1039

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 274:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1496 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 274:

20 GAGAGAATnT GCAATTAGTT ATTCAATTAG TTGATTAAAG ACATGATCCA ACACAAGATG 60  
 ATATCTTAAT GTACAATTAT TTGAAACATT TTGATATTCC TACTTTAGTT ATATGCACTA 120  
 ArGAaGACAA AATTCCaAAA GGTAAGGTyC AAAAGCATAT TAAAAATATT AAGACACAAT 180  
 25 TAGATATGGA CCCAGACGAT ACAATTGTAA GTTATTCATC AATTCAAAAT AATamaCAAC 240  
 AACAAATATG GAATTTAATT GAACCGTATA TTTCATAGTT TTTGTACGTC AAAACTTATA 300  
 CAAAAATTTT AAAAATAATG TAAGCACGAA ACTTTTAATT AGTACACAAT TGATAACATT 360  
 30 TTTCAACGTT CATCATTTTG TCAAAAAC TC AAAAGTAAAT TAGAAAGATT ATAATTTATT 420  
 TAAGCATCGT ACTTAATTGG ATTTTAAATT ATGTTATAAT ATTTGTATTG TTAGTATATA 480  
 TGGGGGCTTT TCAAATGCAT TTTATTGCAA TTAGTATAAA TCATCGCACA GCTGATGTgC 540  
 35 ACTAAGAGAG CAAGTTACTT TTAGAGATGA TGCCTTACGA ATTGCCCATG AAGATTTATA 600  
 TGAAACTAAA TCTAYTTTAG AAAATGgTCA TATTaTCAAC ATGTAATCGA ACTGAAGTAT 660  
 ATGCTGTTGT TGATCAAATT CACACAGGTC GTTACTATAT TCAACGATTT CTAGCTCGTG 720  
 CATTGGAATT TGAAGTAGAT GATATTAAAG CAATGTCAGA AGTAAAAGTG GGGGACGAAG 780  
 CaGTAGAACA TTTATTGCGT GTCACCTCTG GTTTAGATTC AATCGTACTT GGAGAAACTC 840  
 45 AAATTTTAGG TCAAATAAGA GATGCATTTT TCTTAGCGCA AAGCACAGGT ACGACAGGrA 900  
 CAATTTTAA TCATCTATTT AAACAGGCAA TTACTTTTGC AAAAAGAGCA CATAATGAAA 960  
 CAGATATAGC TGATAATGCT GTAAGTGTGT CTTATGCTGC GGTGAGTTG GCGAAAAAAG 1020  
 50 TATTTGGCAA ATTGAAAAGT AAGCAAGCTA TCATTATTGG TGCAGGGGAA ATGAGTGAAT 1080  
 TATCACTATT AAATCTTCTT GGTCTGGAA TTAGTGaTAT TACAGTAGTA AATAGAACAA 1140

ATATTTAATC ATACTGTATG TTCAATGGGC ACTCTAGTAA TAAGTGTTCA TATAACAAAA 5520  
 ATGTTATGCC AAATTATTG TTATATAAAA ATATACATGT AACCACAAAA GATTTTTTGC 5580  
 5 GATATATATA ATTTGATAAA TTAACCAACA ACAATGTAAG ATGTCACTTT GCTTAACTTG 5640  
 GCATCCTTTT TATGATTTTC AAATTCAAAA AAATGAGCAA AATGAATCTC TTTACAGTT 5700  
 TTTAATATTT CaATACCATG CATGGAACCT AAGCACCCAT GTGTGATGCT GGAATGGATA 5760  
 10 TTGAGACTAG CAACCTGATT GTAATGATTA GATAGTTCTT GAATTAATAT TTGAGGTCCG 5820  
 TATATGTCAA AGCGGCCAGG GACAGACCAA ATAAATTCTG TTGTAACCAG TGAACGTAAT 5880  
 AATTCAATAT CTAATGCTGC TGTAACAACT ATAAAATCTA TCATTTGTTG ACGTTTAGGC 5940  
 15 GCATGATTGC ATGACACATC TCCTGTTAAC TTAAAAGGTA ATGATGACTG AACTTCCGTT 6000  
 TTAAAATGTA GTTGGTGCTG AAATAAGCT TGTTC 6035

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 273:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1039 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 273:

30 TTTTGAACAG CCATATTTAT TCACCCTCAA CATCATTATA ATGGTATTAG TCGCATTACC 60  
 TTCACTTGTT TTAGCTATAT ATGATTATAT GAGTTTLAGA ATTTCTTCTG CTATTTTACA 120  
 ATTTCTAGGG GCTATCTCTT GGTCTTTTT ATCATTGATA TTATCGCTCA CACAATTTAC 180  
 35 ACCTTTTACA TTAGCGTCAT TTATAACTTC AATTATTTTG TTCACAAGCA CAATTATCAC 240  
 ATTAGCCATT GGTGGTAAGT CTGTTGAAAA GAATGATTCC CCTTAAATTC CAAATGAAAA 300  
 AAAGGTTCTG AAGGCCGCTA TAAAACACAG TTTTTCAGAA CCTCTATACT TCTATTCAAT 360  
 40 GATATATGGT TTGCAATTTT CTACCTTTAA ATCCACAGCT TCTGCCCTTG AAACTTTGTT 420  
 AAAATAAACC ATCAACAAC GAATGACAAC TTGATGTGCA ACAATGACAA TATCATCTTT 480  
 TTGTGTATCT TCATTGACAA CATGATTCAT AAAATGTTCT ACGCGTTGAT ATACATCTTC 540  
 45 ATAACTTTCT CCTTCAGGCG CTTTTTGTGA AAAACTATGA CGAAAGTCTT TAAAGTTTGG 600  
 ATCATTGAAA TATTTTTCAT ATTTCCGATT CGCACTGATT TCATCTTTAT ATTCACCCCTC 660  
 50 AAATACGCCA AGTGAACGTT CTCTTAATAG AGGGGTAGTC GTTGATGCAA TGTCATATGG 720  
 AAAAATATGT TCAAACGTTT GCTGTGTTCT TAATAAGTCT GAAACATATA CATGTTTAAAT 780

	AATGATCATT TTCGAATTTT TGAACATAGA AAATATCCTT GTCTTCGTTG TTAAAAATAG	3720
	CGCGGAATGT ACCACTGATA TCAGTAATTG GTTGTGTATG CTCAGATGAA GTAATAGGAA	3780
5	TGGCATGTAG AGGTAAGTCT CCAAAGCCAA CATCAGTTAC ATAGAATACA TCATTTATAG	3840
	AAACAACAAG TGAAGCATGT GAACCGTTCA GACTACGACC GCCACCGGGW GTGTGAATAG	3900
	TAGCTGACAT TAATTCAGGA TTAAATCCTT TTTGTTGTAA ATAGGCTTTG AAAAAATGTAT	3960
10	TTAATTCATA ACAAAAAACCA CCACGTTTAT CATGAACAAT TTTATTAAAA AGTGCATCGA	4020
	TATTTATAGA TATCGGCTTA CTATTTTGAA CATCAATATT TTCAAAAGGT ACAGTTAACA	4080
	TAAACGTGT TGCATAATAA TTTAATGCTT CAATACTCGG TCGATTATAA CGAGATGAAT	4140
15	CAATTTGTAA ATAATTCTCT AACTTCGCAA TATTCATAAG CATAGCGCCT CCTGTATTAA	4200
	AGATTATAAT TAAATTTTAA ACAGAAATAC TGAATTTTAA AATTCGAAAG CATTGAATTT	4260
20	TGGATAAATA CATTTTAAAT AGAAAAATAC GCTCTCAAAA TGAAGTCATC TCTAAAAGAA	4320
	ACGATTTAAA GATGACTACT GAGAGCGTAG CATAATGGAA GAAGTGTGCA GGGTGTCTAA	4380
	AAATGCAACA ATACAAAGGT AGTTGCAAGA CAAGTTGCCT TATCTAGACC ATTTGTGTTC	4440
25	TATGCGACCA AACTTCCAAA TTAACTTGA AATAAGCCAA GTAATTAAAA ATAATGCAAC	4500
	TAAATATAG CCTAAATAAT CAAATTCGAT CGAACCAATG AATGCCCAAA ACGCACCATG	4560
	TAAATCTAAC TTATCAGCAA GAATTTGTAG CAATTCAATC ATCCCAATCA CTAATGCTGC	4620
30	CATGACTGAT ATCGCAGTAA TCGTTATATT GTAATAGATT TTGCGAATAG GATTGAAGAA	4680
	TGCCCAATTA TAGGCATACT TCATTACAAC ACCATCTAAT GTATCCAATA AACTCATACC	4740
	TGATGCGAAT AAAATTGGTA AAGATAAGAT TCCGATAAAT GAAATGGCTT GTTGTGATGC	4800
35	GCCTGAAGAA AGAGCGAGTA ACGCAATTTC ACTAGCTGTA TCAAAACCAA GTCCAAATAA	4860
	AAAGCCAAGT GGCAATACGT GCCAACTACG CGTGATTAAT TTGAAATAAG GTCCTACAAA	4920
40	TCGAGAAACC AATCCTCTAG ATTCAAGTAA TGCATCGACT TCAGCTTCTT CAATGTGTTC	4980
	ACGACGTAAT TTAGCGAACA AGTTAATTAA AGAGATTAAA ATAATTAGAT TCAACACACC	5040
	GATAAGCACT AAAAAGAAAC CTGAAACTAG TGTACCAATC GTTCCACCAA TATCTTGAA	5100
45	ATGCGGTAAT TCATCTTTAG CCCATTTTAC AGATACCCCT AAAAAACAG CCATTAAAAA	5160
	TACGACAGAT GAATGTCCAA TTGAAAAATA GAAACCCACA CCAGATGGAT CTTTGC GTTG	5220
	CTGTAATAAT TTGCGaACCG TATTATCTAT TGCAGCAATG TGATCTGCAT CAAATGCATG	5280
50	ACGCAAACCT AATGTATATG CAAGAATCCC CaTACCAAAT AAGATATGAT GGTCTTTTCC	5340
	AGCAATCCAT AAAAACTAA ACCCAATAAC GTGTAACAAA ATGACAATAG CTATGTATGG	5400

55

	ACCATGACAA TAGTTGTATC AAACGATTTA TTCATTTCTT CCAAACGTTG TAATAGGTCA	1920
	TTTGCACTTT TCGAGTCGAG TCGGCCTGTT GGCTCATCTG CAAATATGAT TTGTGGTTTG	1980
5	TGAACAAATG CTCTCGCTGC TGCAGTTCTT TGTGTGTGAC CACCAGATAA TTCGCTAGGG	2040
	TATTTATTTT CTAGGTCATA AATACCTAAT GCTGTCTGTA TCGCTTTATA ATTTTCTTCC	2100
	ATTGTTGCCT TCGACATTTT TTGAACAGAT AAAGGTAACA TAATGTTTTT TTTAACGGTT	2160
10	AATGTCGGCA GAATACTGTA ATCTTGGAAG ATGAAACCTA ATGATTCTTT GCGGAATTTG	2220
	GCAAGTGCTT TTTGATTAAAG TTTATTAAGC TCTTGTCCGT TAGCAATCcg cTACCGCTAG	2280
	AAATTTGGTC AATTGAACTT AGTACATTTA ATAAGGTTGT CTTACCTGAT CCAGAAGGCC	2340
15	CCATAATCGC AACGAATTCG CCTTTTTGTA TGTCAAAGTT AATATCTTTA AGTGCTTGAA	2400
	ATGTGTGCTT TTTACCGTAT GTTTTTGAAA CATGTgCACT GATAATATCG TCATAGTCTC	2460
20	ACTCCTTtTG TATTTAATTT CATTTTAAAT AATGTTTGGA GTAGTAGCCT TTATCTAAAC	2520
	TTACAATTCA ATGAATGAAC CTTACAGAGT TGAAArctAT CGCTACTTAG TAGATTTTTG	2580
	AGTGAGGATA CAGATTCATC GTACATATTA GACAAAAGCA ATGGTGCTTT CTAAGTGATG	2640
25	ATGTTTGTGT AAATGAGAA AAGGGAATTT AATTATTGTA TAATAAATTT TTTGTAAAAA	2700
	TTAAAAGAGG GTTTTATTTG AAAGGAATTG ATTGTTATGG AAAAAGGAAA TCAAGGTATT	2760
	AAATGGTCTA GTTTAATAAT GGGTGTATTA TTATTAATGT TGGCAGTCGT TATTTTTACA	2820
30	TTTCCAATTG AAAATTTTTA TGCTATTACC TGGTTGATTG GACTGTTTGT ATTAATTAAC	2880
	GGTGTGATT C AAATCGTTTA CCGTAGAAAA GCAAAAGCTT TAGTAGGTGG TAACCAAAAT	2940
	TGGATTCTGT TTATGGGGAT TG TAGATATT CTATTTGGTC TATTAGTTAT TTTAATGTT	3000
35	GGCGCAAGTT CAGCATTCTT TATTTATATG TTTGCTTTTT GGTTTATTTT TAGTTCTATC	3060
	TCTGGATTAT TTACGTTTTT GGGTAGTGGT AGCTTAAAC TAATTTCAGT GATTTTTAAT	3120
	TTATTAGGTA TTGTTTTTCG TGTCATTTTA TTATTTAATC CATTAAATGGG TATCGTCTTT	3180
40	ATTTGACGA TGATTGCTAT TGCATTTGTA TTCGTAGGTG TCATTTATGT TG TAGATGCA	3240
	CTTGCTTAAG TAAAATGAAG CGGTTCAAAA GAAGGGTGTG ACATGAAGTT TGTGTCAAT	3300
45	CCTTTTTGTT GTGTTTATGA AGCATAAAAA AGGGGCGCTA CCTACAATAA GTAAGATACG	3360
	CCCATATTTT TATATTTTAC TATTATTGTT TTTCAATACG ATTAATAGTT ACATTTAGTC	3420
	CAAAATATTT TTCTAAAAAA TGTTTATAGT TATCTTTAGT GACATCAAAT TTTTCTGAGC	3480
50	TACCATTCTT TGTTAAAGTT AAATGATTTT CAGACATTGT AGCACGGCCA AATGATTGTG	3540
	GCATTGTAAT TAATAAATGC TGTACAAATA TTGAATCTGG ATGCGTTTGA TTATATTGCA	3600

55

	CGTAAAcCTA TGCgTTTTAA TATTCTGAAG TTACTTAGTT CATCCTCAGT TTCATCCATT	120
	TGTTTAATAT AAATAATACA TCCAGCTGCT ACTAAAAATG CTAATCCTAA AAATGATGTA	180
5	ACAAATATTA GAATACCGTT AGTAGCATcG ACCTCTTTTT TCATTTTCATC ATACGTGATG	240
	ACTTTGTCTC CAAACTGTTT TGCAATTGCT TGAGCTTTTT CCTTTTGTTGA TGTTTGTTTA	300
	ATATCATATC CATAAAAAGT ATGAACGTTA TTTTGTGTTT TCAACTGCTG ATACTTTTCA	360
10	GGACTTACTT CGATGACAGG TGAGTTGAAG CTTAGATTTA AAGGATAAAC CTTACCTTTG	420
	TCTTCTTG TG TAcACGGAAA GTTTCATTCT TAGTACCTTT TACTACTAAA TCTTTGTTTA	480
	AATGGATATT AATAATGTTA GGCAGCGATT TTGTATTTGT AATGATGGCA TTGTTGCCTG	540
15	TtAACTTGTT ATTTGCAC TT AAAATAGAAT TCGTGCGACC TGAATCACTA CCATTTTCCA	600
	AAGTAATAAC CTGATCATTa ACATTATCTA CAGTAATAGT TTCGTAAGCA TTTT TAGAAA	660
20	ATGTAATTTG TTGTTGGCTT AGTTTAGTTT CAAATTGTTT AGCATCTTGA GTAGCGACCA	720
	CGTTAAATTC ATTTGGTGCC ATAGATGTAA GGGTTTGATC TGTATTTGAT TTAGATAATG	780
	CCGCAAAACA CAATACAGTT ACTGTAACTG CAGAAATAAT TGCAATGATA GTTAAAGACA	840
25	TGGCATT TTTT CTTCATTCTG TACATAATAG ACGATGTGAA TACAACATCG GTAATAGATA	900
	CGCGTCCATT TTTTGATTTT TTCAATGTTT TAAAAATAAG TGACACGGAA CTTCTGAAGA	960
	ATAAATAGGC GCCTACAACC GTTAAAAATA AAATGATAAA CGGTGATGTC ATAGCCATAG	1020
30	TTAGTGCTTT GAACGTACCA AACATTTCTG TCGCCATATA ATAGCCTAGT GCAATCATAG	1080
	CAATACCTAA TACGCCTGAA ATAACCTCTG CAGTCGTTAC TTTAGCAGTT GTGGCATCAG	1140
	TTTTAATTGA ATCTTTCATC ATTGATAAGA TACTACGTCT TTTTAGAAAT AAAGCACTTT	1200
35	GAAATAAAAT CAGTACATAC GCAATAATTA GCATGAAAAT AGTTAAAACA AGGGCCATAG	1260
	GTTcGAAATG TATCGATAAG TTAATCGATA ACGACATCAA TTTAGATACT ATGGAAAGCA	1320
40	ATAaTTGTGC ACCTGCAATG CCACATAATA CACCGACAAC ACCTGTGATT AAAAATACGA	1380
	TCATTtGTTc AAGTGCTAAC ATTTnCAAAA TGTTTTGTcG TGTTAAACCA ATCaACTGAA	1440
	ATAGCGCAAA TTCACGTGTA CGGCGTTTTA CGmTAAATG ATTGGCATAc ATTAAAAAGA	1500
45	TGACAATAAT GATAAATAAA AATATTGATC CGACTAAAGC ACCTTTCTTA ATGATGGCCA	1560
	TCGAGTCGTC ATTATTTACA CCTTTAGTAA ACTGTAAGGT TGTAAACTG AAATATAAGA	1620
	CGATGCTAAA AAATAATGAA AATAAATACA TTGCATAATG TTTTAAGTTT TGTCGTAAGT	1680
50	TTTTGAAAAC GATATGGTTA AATGTCATTT GAGACACCAC CTAATACTGA TTGAAGATGT	1740
	ACAATGTCTT CATAAAAGGC CTGTTTAGAA CGTCCTTCCT GATAAAGTTG TGTATGAATT	1800

55

5    ATAAGCAATT TAATTTTGAG TCTACAATGG AGGAATTATC ATCTTTATCA GAGACTTGCC    60  
      AACTTGAAAGT GTTGGGTCAA ATTACTCAA ACAGAGATCG TGTAGATCGC AAATATTATG    120  
 10    TTGGTAAAGG TAAAATTGAA GAAATTCAAG CATTATTGA GTTCAAAGAT ATTGATGTAG    180  
      TCATCACAAA TGATGAATTA ACGACTGCAC AATCCAAATC ACTAAATGAA GCTTTAGGTG    240  
      TAAAAATTAT TGATAGAACT CAGTTGATTC TTGAAATATT TGCATTAAGA GCAAGAAGTA    300  
 15    AAGAAGGTAA ATTGCAAGTA GAGCTAGCAC AACTTGATTA TTTATTACCT AGATTGCAAG    360  
      GCCATGGTAA AAGCCTTTCT CGTTTAGGTG GCGGTATTGG AACTAGAGGC CCTGGTGAAA    420  
      CGAAGTTAGA GATGGATCGC AGACATATTC GAACTCGTAT GAATGAAATT AAACATCAAT    480  
 20    TCGCGACGGT AGAAGAACAT CGCGAAAGAT ATCGAAATAA AAGAAATCAA AATCAGGTGT    540  
      TTCAAGTAGC TTTAGTTGGT TATACAAATG CTGGTAAATC ATCATGGTTT AATGTTTTAG    600  
      CAAATGAAGA GACGTATGAA AAAGATCAAT TATTTGCAAC GTTAGATCCT AAAACACGAC    660  
      AAATTCAAAT AAATGATGGA TTTAATTAA TTATTTTACA TACTGTTGGT TTTATACAGA    720  
      AACTACCTAC GACGTTAATT GCAGCTTTTA AATCAACTTT AGAAGAGGCT AAAGGTGCAG    780  
 25    ATTTATTAGT ACATGTCGTA GATAGTAGCC ATCTGAATA CCGTACGCAG TATGACACAG    840  
      TTAATGATTT AATCAAACAA TTAGATATGA GTCATATTTT TCAAATAGTT ATTTTAAATA    900  
      AAAAGGACTT ATGTGATCAT GCATCAAATC GTCCAGCAAG TGATTTGCCT AATGTTTTTG    960  
 30    TTTCTTCTAA AAATGATGGT GATAAATTAC TTGTTAAGAC GTTATTTATT GATGAAATCA    1020  
      AAAGGCAATT AACTTATTAT GATGAGACAA TTGCGACGAA TAATGCAGAT CGATTATATT    1080  
      TTCTAAAACA ACATACATTA GTGACTGAAC TTAAATATGA TGAAATTGAA AATGTTTATC    1140  
 35    GTATAAAGG ATTTAAAAA TAATAAAGG ACGAAATTCA AATGAAAGAT ATAAGTAAGA    1200  
      TAGTAGCTGA CGTCGAATCA ACGTTAGCAC CATATTTTAA AGAAATTGAA GAAACAGCAT    1260  
      ATATTAATCA AGAAAAAGTA TTAAATGCAT TTCATCATGT CAAAGCAACC GAAAGTGATC    1320  
 40    TACAAGGATC AACAGGATAC GGGTATGATG ACTTTGGACG TGATCATTTA G    1371

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 272:

- 45    (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
      (A) LENGTH: 6035 base pairs  
      (B) TYPE: nucleic acid  
      (C) STRANDEDNESS: double  
      (D) TOPOLOGY: linear  
 50

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 272:

55



ACCTAAGAGG TGTGGATATG AATAAACACA AGAAAGGTTT TATTTTGGGA ATAATAGGAC 900  
 TTGTTGTCAT ATTTGCTGTT GTCyCaTTTT TATTTTCTC AATGATATCC GATCAGATAT 960  
 5 TTTTCAAACA TGTAAATCC GACATTAAGA TTGAAAAGTT AAATGTTACA TTAAACGATG 1020  
 CAGCAAAGAA ACAAATAAAT AATTATACGA GTCAACAGGT ATCAAATAAA AAGAATGATG 1080  
 CATGGAGAGA TGCATCTGCA ACTGAAATTA AAAGTGCAAT GGATAGCGGT ACTTTTATCG 1140  
 10 ATAATGAAAA GCAAAAATAT CAATTTTTAG ATTTATCAAA GTATCAAGGG ATTGATAAAA 1200  
 ATAGAATTAA ACGTATGTTA GTAGATAGAC CAACGTTATT GAAACATACG GATGATTTCT 1260  
 15 TAAAAGCTGC TAAAGATAAG CACGTTAACG AAGTTTATTT AATTTACAT GCATTATTAG 1320  
 AAAGCTGGCGC AGTTAAAAGT GAATTAGCTA ATGGAGTCGA AATTGATGGC AAAAAGTACT 1380  
 ACAATTTCTA TGGAGTAGGA GCCCTTGATA AAGACCCAAT TAAACAGGT GCAGAATATG 1440  
 20 CTAAAAAGCA TGGTTGGGAT ACACCTGAAA AAGCTATTTT AGGCGGTGCT GATTTTATTC 1500  
 ATAAGCACTT CTTATCAAGC ACAGATCAAA ATACATTGTA TAGTATGAGA TGAATCCAA 1560  
 AAAATCCAGG AGAACATCAA TATGCTACAG ATATTAAGTG GGCAGAAAGT AATGCAACAA 1620  
 25 TTATCGCTGA CTTTATAAG AACATGAAGA CTGAAGGAAA ATACTTCAA TACTTTGTGT 1680  
 ATAAAGATGA CAGTAAACAT TTGAATAAGT AATTGATAA GCTACGAGTT GTTTTTATGA 1740  
 CTCGGACATA CTAAAAAGAC GCTTTCTATC TTGTTTTGAT AGAAAGCGTC TTTTGCATT 1800  
 30 AGAGAAAACA CATTGATkGA TAAtCCCacC aATGCAAgTG GGGcAGGACa TCGATAAAGA 1860  
 ATTACTTTTT CTTTAGAAAT TAGTATTTCT TATGCATGAG TTTTACTCAT GTATTCCTAT 1920  
 35 TTTTAAGTAC ACATTAGTTA TAGCTAATGA TAAAGAACCA CTACATAATA AATCATTAGT 1980  
 GTTTTTTTAT CATTTCTGTC CCaCTCTCAT CGTGATTGTA AATTTTCAAT TGCGATTTTA 2040  
 ATTTTCTCTC TTACACGTTG GAACTCTGAC CAAGGCTTGC CTGCAGGATC ATCAAATCCC 2100  
 40 CAATGTTCTT TCTTAACATT TGTGTTGTA GAAGGGCAAT TTACGTCTGC ATCACTACAT 2160  
 AATGTAACAA CTAAATTTGA ATTTnTAATA ATATTATTAT CGGATTAAAA TCTGATGGAT 2220  
 GATTTGATAT ATCAATGCCT ACTT 2244

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 271:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1371 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

50

55

CCAATATAAA TTTTGTACGT TGATAAGTAG GATTTACTTT AAAAATTAAG TTTCTACGCT 1500  
 TAGTACTCGT TTAAATTTGA TCAGTTTGAG CGATATTTAA CTTTTCTCTA ATATCTTGCT 1560  
 5 GTACTTCAAC CGTGGCAGTT GCTGTCAACG CTATTATTGT AAAATCTTGA GGTAACGTAA 1620  
 ATACTTTTGA AATAACATTT TGGTAACTCG GCCTGAAATC ATGACCCCAT TTAGAAATAC 1680  
 AATGCGCTTC ATCAAACGCG ACTAAGTGAA TCTTTATACG CTGAAGCATA TTTAAAAAAT 1740  
 10 ATCGGTTTTTC AAATCGTTCT GGTGCAACAT ACAAAAATTG AATTTCTCCA TTTGATAATG 1800  
 CTTTTTCAAT ACGTTGTTGC TCTTTTTGAG TCAAACACT ATTTAAAAAA GCAGCTTGAA 1860  
 TTCCCATCGC TTTAATTGA TCCACTTGAT CTTTCATTAA TGATATTAGT GGACTTATTA 1920  
 15 CAATTGTTGT ACCACCTAAC mATAAACCTG GTACTTGTA GcmTATAGAC yTACCTCCAC 1980  
 CAGTtGGkAA GrCACCAAGC ACAT 2004

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 270:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2244 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 270:

30 AAAGATTGCT TGCCTTGAGG GTTTATATAT CTGACTCAAT TGCCACATTT TTATCAAGAG 60  
 TAGTTGATAA TACTCATCAT AATTATAGCT AATATTATAT TTTTTTAAAA GATAGTGTAT 120  
 GATTTTCTGG TGTTTGTTGT ATACGTCATT AAATTTCAAG TAGTCATTCT CCAAGTTATA 180  
 35 CGTATAACAA ATATTTCCGG ATAAAGTTAG AATAAAATAT TTAGAAAAAT CATTCAATTTG 240  
 CGTAATCGCT AAATTAAGTG TTAAATATAA GACATAAGTA ATTAATTTAA TGTGATATGA 300  
 40 TGTATTATTA CTTTGCTAAA TAGTAGATAG AACAAAATTT GTAATCGGGA GGTAACAATG 360  
 GATTACGCAC ATTTAAATTT AGAACATTTT TTTGCACGAA ACGACGATTT AGATGTTATA 420  
 AGAGATCGCG CTGATTTTCGT GATGATAAAT AACTTCACTA ATGAAATGAT GTATCGTGAT 480  
 45 GGTCAAATTG AAGGCACGAT TGATTTAAAT CAGTACTATT ATAAAAATAG ATCAAATGCA 540  
 GCAAGTTTTTA TTATGATGGA TTATAAAAAA GAACTAAGT AAACGAACAA AAGAATTTTT 600  
 TGTTTTTTAA TACGTGAATA ATAAGATTAT TGATATAAAG GTTTTCAAAG GTTATACAAA 660  
 50 AAGATAAAAC ATTTATGATT CGTAGATCAA CGTAAAGTAA TGTTGATAAA TGTTTAAAA 720  
 CGTTTCATTT ACATTACTGT TTATTTATGA ATATGTAACA ATGCATAGAT AAAATTGTTA 780

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 269:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2004 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 269:

	ACAAAAAATT CACCCTCATT AATATTGAAA CTAATGTTAT CGACAGCAAC ATGTTTGCCA	60
15	TAACGCTTAG TTACATTTTT AAACCTAATC ACTTTGCCAC CTCTTTTTTT CTCATAGCAT	120
	AAAACCGAGA TTATATGTAT GTATTCCCTA TTAAACCACG TTTATTACAA TTTTCAAATT	180
	TAAATGATTT ATCCTTGAAC TTTTTTAATA AAATAATGAA TAAWAGGWAA TCWCCAGTTA	240
20	AGAAATAGTG TTATTTTACC TTGAATTCAA AAAAACACCC AGTAAACAA GGAATGCTTA	300
	CTAGGTGTCT TCACTATACT TTGGCTTTAT AATTTTGAAT CGTTCTAAA AATGCTGGAC	360
	AATAATGTTT TAATTTGTAA CTACCTACGC CATCMATATT AATCATATCT TGTTCGAAG	420
25	CAGGCTTACG TTTAGCAAAT TCCTCCAACG TGTAATCAGA AAATATACTT ACAGGTGCTA	480
	TCGTTAATTT GTCACCTAAC TTTTACGAA CTTCTACCAA CTGACTGAAT AATACTCGGT	540
30	CAACCCCTTC AACCGTATTT ATAAATACTT TTTTCAGTCGC TTTTGTCTTA AATGGTGTG	600
	TGAATACTTC TACTTCATTA CTGAGTAATT TTTTAATTGA AGTATCACAC ATTAATATTT	660
	CGTCATTTTC ATTAAAGAAC CCTTTGAATC TTAATTCATC TATTAAGTGA CTTAATTCTG	720
35	ATGTTGTGTA ACCTTTCATT AAACCATGGG TTGAAATTTG GTCATAACCT TTATACTTAA	780
	TATAATCTGK TGACTCTCCT CTTAACACTT GAATGATAAC ACTATAACTC TCTTGTGTGTT	840
	TCATACGAGC GATGCAACTA ATAATCATCT TAGCTTCTTG TGTCATATTA TATGATTTAT	900
40	CTTGTTGAAC ACAATTACTA CATTGTTTAC ATTCTTCTAA TTTTTCATTC GGTTCAAAAT	960
	AATGGACAAT TGTTGCTTCT AGACATTTTT TTGTTTTTGT ATATTGAATC ATTTTAGTTA	1020
	ACTTTTCGCC CATTTTATCT TTATAGTCAT CATCAGCTTG AGAGACTGTT ATAAAATACT	1080
45	CGTGTAATT GATAACGCGT TCGCTAAATA ACAAATACA TTCACTTTTC AACCCGTCAC	1140
	GACCTGCACG ACCCGCTTCT TGATAATAAG ATTCTAAATC TCCAGGCATA TTATAATGAA	1200
50	TAACAAAGCG TACATTGGAT TTATCAATAC CCATACCAA AGCATTGTA GCAACGACTA	1260
	CTTAACACG ATCAAATAAG AAATCATTCT GCGCTTCTTC TCTTCTTTA TTGCTCAAAC	1320
55	CTGCATGATA TATAACACTT TCAATTTTCT GACTTTCTAA GGCTTCTTGA AGCTCTTCAA	1380

TCTGATTTC TCTGGACTCA TCTTAATCAT TGCCATAACT AGAAACCTCC TGAATATTTT 3000  
 AAGTTTATCa AAACCTTTTA GGGACACTAT TTTTGAAAA AGTGCTCCTT ACTCAAATAA 3060  
 5 TATATAAATT ATTAGTATAT GTATATAGTc TTTTAAGTAT TTTTAGCTTT TTTAAAATAA 3120  
 ATATATTGAA TATAACCATA TATTTTTAAT TAACCATTCA TTTTGTGAAT ATAAATGTGT 3180  
 AATACTAAAT TAAATTAAAT ACATAAAGGA TTAAATGGTT ATTATGAAGA AAACAATTTT 3240  
 10 ACTGACGATG ACAACTCTTA CTTTATTTAG TATGTCGCCT AACTCGGCTC AAGCATATAC 3300  
 GAATGATAGC AAAACATTAG AAGAAGCAAA GAAAGCACAC CCAAACGCAC AGTTCAAAGT 3360  
 GAATAAAGAC ACCGGCGCGT ATACTTATAC ATATGACAAA AACAAACACGC CAAACAACAA 3420  
 15 TCATCAAAAC CAGTCACGTA CAAACGACAA TCATCAACAC GCAAATCAAC GTGATCTTAA 3480  
 CAACAATCAG TACCATTCTT CATTAAAGTG TCAGTATACG CACATTAATG ACGCAATTGA 3540  
 20 TTCACACACA CCGCCTCAA CGTCACCAAG CAATCCTTTG ACACCAGCAA TACCGAATGT 3600  
 CGAAGACAAT GACGATGAAT TAAATAACGC TTTTCAAAA GATAACAAAG GGCTTATTAC 3660  
 AGGCATCGAT TTAGACGAAT TGTATGACGA ATTACAAATC GCCGAATTTA ATGACAAAGC 3720  
 25 AAAGACCGCT GACGGTAAAC CTTTAGCATT AGGTAACGGT AAAATCATTG ATCAGCCTCT 3780  
 TATCACAAGT AAGAACAAC TATATACTGC TGGACAATGT ACATGGTATG TCTTTGATAA 3840  
 ACGTGCCAAA GATGGACACA CGATTAGTAC ATTTTGGGGA GATGCTAAAA ACTGGGCAGG 3900  
 30 CCAAGCTTCA AGCAATGGCT TCAAAGTAGA TAGACACCCA ACACGAGGAT CAATTTTACA 3960  
 AACAGTAAAT GGTCCATTTG GTCATGTAGC CTACGTTGrA AAAGTTAATA TTGATGGAAG 4020  
 TATTCTAATT TCAGAAATGA ACTGGATTGG TGAATATATC GTTTCATCAA GAACCATCTC 4080  
 35 TGCTTCAGAA GTTTCATCAT ATAATTACAT CCATTAAATT AATCATGACA TCAATAAAAA 4140  
 GCGAECAGTT CGCAGTTTAC AATTCGTAAC ACTGCAAAAT TGGTCGCTTT ATTTTGTATG 4200  
 40 TTATTCGATT ATAAATTAC AAAGAAATGT TCTCTACATT CCCCATTAAT CAAAATCGTT 4260  
 TACGAAAGTA TAATTGTAGC TATAATAATC CAAGTCGTAA CAACTAGTGG CACTATCGTC 4320  
 TTGAATAAGA ATATACCGTA TTTTTCTTG CGATATATAT CCAGTACTAG CCAAATTAAA 4380  
 45 ATGATTATAA CACCAACAAA AATAAATACA GGATTCATCG ATATAGCATC TGCCTGTAAC 4440  
 TCAGGTTGCA TTCTTAATTT AGTGATAATT AACATCACTA CTGAAATAAT GAAAAAGTAG 4500  
 ATACCTCTTA TCTTTGATGT CTGTAAATCT AATTCCTGCT CTTCAATGAC CTCTTTAGAT 4560  
 50 TCACCCAATT CTTTGTCAAT CAAATAATTT ACTACCTTAG GTTTCACCCA TAAACACTTA 4620  
 ATTGCAAAGT ACATAAAAAT ATATGATCCA GTATCCATAA ACATTAAAAA GTTGCTTAAA 4680

55

	TAAAATGAGG AtCTGTTGCA ACAGTTAATT GATTAATATC ATTACTTTTA ATCGTTTCAG	1200
	TACGTTGCAC TTTGACACCA TCATTAATCA AACTACTTGT GTCTTGCGCA ACTTG GTTAT	1260
5	CGTAATCTGT TAAATTAATG TGTTCTGCTA ACGGTTTTTT CAAATTATAT TCATTTTAT	1320
	AACGTTTTGC TTCTTTGACA ATTGCTTCGT ATTTATTAGC TTCATCCTCA TTAAACCTG	1380
10	CAGCTATAAA GTCTTGTTTA GACATGTTAT AGATAAATGT TGTATCTGTA TCAGGTTCTT	1440
	TGACAATATC ATCATGAAGT TGTTTCTCTA AGTTTTTCAGC GAATTGAGCA TTGTTCAATTT	1500
	TAATGCTATT TAGCGCATCT TGTAAGTCTT TGTTATTTGC AAGCTCATCT TGCAGTGATT	1560
15	CTGTTAATTG CTTACGATAn TCTTCAATCA TACCTTTTGA AAATGGTGAC TCTTGTGATT	1620
	GAATGATTTT TCTTAATTTA TCTAAGTTTT CTTTAACAGT TTGTTTATAT TCTTCTTTAC	1680
	CTGTATCTTG CATACTTGAT TGTTGATCAA TTTGGCTGTC CATCTGTTTT AATGCATTGA	1740
20	TATAGTTATC AAGTTCCACG CTATCTTTTT GCGATTTATA ATCTTGTAAC ATTTTATCCA	1800
	TCGCTGTATT GTGCTCGTCA AATAATGAAT TTTGTTTTTC AATTAAAGTC GAAACATTAT	1860
	AATCTGTGTT CACTCTGAAC GATCTGAAT TCGCACTCAA TAATGATTTA TTGTATGTTT	1920
25	GGAACCATTT TGTAATGTCT TTGTTTGCAG AAATTGAATT TACAAGCGTA TCTGTAAATA	1980
	ATTCCGGGAA GTCGTTAATT GGATTTAATA AGTAATTCGA GAATTTACTA TTCACACCAT	2040
	GTTACGCGT CATAATAGCG CCAACATTTT TTTGTGCATT ATGTAAATTA TCAATGATGC	2100
30	TTGTTAAATA AATTTGACT AAGTTTTTGT TAAAGTCGTT AAGTACATTA CTTACAACCTT	2160
	TTTCTGTGTT TTTAGCTACT TCTTCTTTTT GTCCTACAGC TGTTTTATAC TGTAGCGATA	2220
	TTTTCGATGG TGTTTTAGCG TCTAATTGCA TTGCCAATTT TGAAAAGTTT TCTGGGATAA	2280
35	CAATCATGAC TTGGTATCCA CCATTTTCA AACCAGACTC AGCAACGTTT CTTGTTACTG	2340
	TTTCAAATTT ATAGTTTTTC TCATTTGCTA ACCTTTTAAT AAATGCTTGA CCCAGCTCAA	2400
40	CTTTTTTACC GTTATATGTC GTTGGTTGAT CCTCGTTAAC AATTGCGATA TGTATTTTAT	2460
	TATTTTTTATT ACTTACACTT TGGGATCCTT TTTCTGATTG ATCTCCATAT TTTGTTTGAA	2520
	CAAAAAATAT CATACTAACT ATGGCAATTA TAATAATTAA AGTGACAATT AATGCATAAA	2580
45	TCCAATTTTT CTTTTTCATG CTTATTTCTT TTCAGTTGTT TTCTTAAAAA AATGATAAGC	2640
	AAAGCCACAT TAGAAAATGT GACTTTGCCA ATTTCAGAAT GCTTATTGCA AACCAGAAAT	2700
	ATTAGAAAGT TGTTGGTCTT GTTCTTGAAC GGCATCAGCA GTGCTATTCA ATTGTTGTTT	2760
50	AATTTCTTCT AATAATTGTG CAAATTTTTT TACTTTAGGA CTAAGTTGTT GGAATTGCTC	2820
	TTCGAAACGG CTGAAAGCTT GACCTTCCCA GTTCGCTGCA ATTTACCTt GTGCACGkGT	2880

55

AAGTTGCTAA ATTAGCCAAA GCACATCAAG TTGAGCGTGT CATTTCAGCA CTTGAAAGCA 1200  
 CAACGGACGA TACAGAGTTA GTTGATTGAG GTATTGAAAT TTTCAGTAGC TACTTAAGTA 1260  
 5 ATAAAATCTT ATTAAAAGGT TTAATTGAAA CACCTAACAT GTTGAATTTA TTAAGTAATG 1320  
 TTGAAACGTC ACTATATGAA ATTCAAATGT TAAATTATAA ATATGAAAAT ATTCAATTAC 1380  
 GTAATTTCCC ATTCGGAGGA GACATCATC 1409

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 268:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 4702 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

15 (C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 268:

AAAGAGGGTT TTTTACTACT ATAATCCATC CTTTAATGGA ATTCCATTG TCCCTTTGGC 60  
 CCGTTCATAA CCATAGGAAA ATATATGChG nAATCATTGA TAGTAAATAC ATCAATAATA 120  
 25 CGAATAATGT CGGTGAAATC ACGTCCGTAT TACCATTATT AGCTAAAACA TTTTCCAAGT 180  
 TTTCTTTTGA ACCGGATACT CATAAATGCT TTTAATGChT GGTTTTGTCT GTCGCCATCT 240  
 TTAGAATTG TAATACTTTT TTAAATCTT TAGCGAACAA CTCATTATCT TTATCGTTTT 300  
 30 TAGCCATTG ACGATTCAA TCGTTAGCTC TTACGCCTAA TGCTCGACCT GTCGCATGTA 360  
 GCTTATTCAC ATTATTGTCG ACTTGATTTA ATTGGCCACT AACAGAATCT GCAATTGATT 420  
 TTGATTCTTG TGTATCTGAT AGCAATTGCG TACTCTTTTC AGAAATTCTA CTAATTTCTT 480  
 35 TATCTAAATT TGAAGACATC GTATTAAATT CATCATTTTT GCCTTTATCA ATTTTTGGTT 540  
 CTTGTGGCTC TTCAGCAAAA GTCTTTTTAA CGTTTTCTAA CTGATCAATC AGCTTGGAAA 600  
 40 TATCTTCTTk ATTTTTTGTT gTATTCTTTT TGTTATTTAA AATGTCATCA ATCAGTTTGT 660  
 CTGAGTTTTT TTCCATTGAA TCAATTTGaT GTAACACAGC TACTTTATCG TCTTTGAAAC 720  
 TTTCCATGTC ATTGATAACT TGGTCAACCA TCATATCAAT TAAACGTTTG TTGTCCAATG 780  
 45 GTTTATCTTC tCTGCCTTTT GTATCTGTGT ACATTTTATA ATGCGCATCA AACCTAGATA 840  
 ATGCACTCAA TTGCTGGCTT AATGCATCTT TCGATAAGCG ACCATCaAGG TTATGATTCA 900  
 ATGTTACATC CACAACACTC GTTGCTTTCT TATCATTTGG TTCATCTTGA CGATTGCTT 960  
 50 GTCCAAATAA CAATTGTAAA TGCATTGTTT TATCTTTTAA GAAATCTTTC TCAGCATCCT 1020  
 TTTTCAATTT AGCAACGCCA TTGACTTCAA CTTTATATTC CTTGTTAGAT GTATCGAGTT 1080

CAGCATTGAT GCACGTGTTA GCCAATTGAA ATCTCAAATT GAAGAACTG AATCTGACTT 780  
 TGATCGTGAA AAATTACAAG AGCGCTTAGC TAAATTAGCA GGTGGTGTG CAGTTATCAA 840  
 5 AgTAGGTGCA GCAAGTGAAA CAGAGCTTAA AGAACGTAAA TTACGTATTG AAGATGCATT 900  
 AAATTCTACA CGTGCAGCAG TTGAAGAAGG TATTGTTGCA GGTGGTGGTA CTGCATTAGT 960  
 10 AAATGTTTAC CAAAAAGTAA GTGAAATTGA AGCTGAAGGT GACATTGAAA CAGGTGT 1017

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 267:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1409 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 267:

TTAATCCAGC GTTAACTGTA TTTGCATTTA TTATGATTAT TTCGATTCTT TTAGCGTATG 60  
 TATTTAAATG GCTTGGATTA GTGGATGATG TGTTATTAAT GGTCAATTATC ATTTCAACTA 120  
 25 TTTCCTTAGG CGTAGTTGTT CCAACTTTAA AAGAAATGAA TATTATGAGA ACAACTATAG 180  
 GGCAATTTAT CCTATTAGTA GCAGTACTTG CGGACTTAGT AACTATGATT TTATTAACGG 240  
 TCTATGGCGC AATCAATGGT CAAGGCGGCA GTACAATATG GTTAATAGGT ATATTAGTTG 300  
 TTTTCACAGC AATTTTCATAT ATTTTAGGTG TTCAATTTAA AAGAATGTCA TTTTACAAA 360  
 AATTGATGGA TGGTACGACG CAAATCGGTA TTCGTGCGGT ATTTGCATTA ATAATATTAT 420  
 TAGTAGCCCT AGCAGAGGGA GTTGGCGCAG AAAATATATT AGGTGCATTTC TTAGCAGGTG 480  
 TCGTTGTTTC ATTATTAAAT CCAGATGAAG AAATGGTTGA AAAGTTAGAC TCATTGTTT 540  
 ATGGGTTCTT TATTCCTATT TTCTTTATAA TGGnTGGTGT AGATTTAAAC ATACCTTCAT 600  
 40 TAATTAAAGA ACCGAAATTA CTAATTATCA TACCGATTTT AATCGTnGCA TTTATCATTT 660  
 CAAAATTAAT TCCAGTCATG TTTATTCGAC GTTGGTTTGA TATGAAAACA ACGATTGCAT 720  
 CAGCATTTTT ATTAACATCA ACATTATCGC TCGTGATAGC TGCAGCCAAA ATTTAGAAA 780  
 GATTAAATGC TATTTTCAGCT GAAACGTCAG GTATATTAAT TTTAAGCGCA GTCATTACAT 840  
 GTGTATTTCGT TCCGATTATT TTCAAAAAAC TGTTTCCAGT TCCAGATGAG TTTAACCGTA 900  
 AAATTGAAGT TAGTTTAATT GGTAATAATC AATTAACGAT TCCTATAGCG CAAAATTTAA 960  
 50 CATCTCAGTT ATATGACGTG ACATTATATT ATCGCAAAGA CTTGAGTGAT CGTCGTCAAT 1020  
 TGTCAGATGA TATCACGATG ATAGAAATTG CTGATTATGA ACAAGATGTT TTAGAACGAC 1080

TCACCACGTG TAGATGTTGT TGTAGAAATT AGTAAACGTA TTAAAGACGC ATTTCTTAAT 2940  
 GAAGATATAG ACATACTACA CCAGCAATCA AGACAACAAT TTGAAGGGCA TTTTGTGTA 3000  
 5 TGCACAGTGC ATCAACTTTA CCGATTCAAA CAGCACTTTG ATACTATTTT TATTGATGAA 3060  
 GTCGATGCCT TTCCTTTATC AATGGATAAA AATTTACAAC AAGCATTGAA GTCATCTTCT 3120  
 AAAGTTGAAC ATGCAACAAT TTATATGACA GCAACACCAC CGAAACAAC TCTGTCAGAG 3180  
 10 ATTCCCCACG AAAATATAAT TAAATTGCCA GCTCGCTTTC ATAAAAAATC ACTTCCAGTT 3240  
 CCTAAATATC GTTATTTCAA ACTTAATAAT AAGAAGATTC AGAAAATGTT ATACCGAATT 3300  
 TTACAAGATC AAATTAATAA TCAACGTTAT ACACTGGTGT TTTTAAACAA TATAGAAACA 3360  
 15 ATGATTAAAA CATTTTCGGT TTATAAGCAG AAAATTACTA AATTAACATA CGTCCATAGC 3420  
 GAGGATGTTT TTCGCTTTGA AAAAGTTGAA CAATTAAGGA ATGGACATTT CGATGTCATT 3480  
 20 TTTACTACGA CAATATTAGA ACGTGGATTT ACAATGGCAA ATTTGGATGT TGTGTTATC 3540  
 GATGCACATC AATATACTCA AGAGGCTTTA ATACAAATTG CTGGACGTG 3589

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 266:

- 25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1017 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 266:

30  
 35 TTTCCAAGAA GGcTTgAAAA AtGTTwCaAG TGGTGCGAmC CCAGTTGGTT TACGACAAGG 60  
 TATCGACAAA GCAGTTAAAG TTGCTGTTGA AGCGTTACAT GAAAATTCTC AAAAAGTTGA 120  
 AAATAAAAAT GAAATTGCGC AAGTAGGTGC GATTTGAGCA GCAGATGAAG AAATTGGACG 180  
 40 TTATATTTCT GAAGCTATGG AAAAAGTAGG TAACGATGGT GTCATTACAA TTGAAGAATC 240  
 AAATGGACTA AACACTGAAC TAGAAGTGGT TGAAGGTATG CAATTTGATC GTGGTTATCA 300  
 ATCACCGTAT ATGGTTACTG ATTCAGATAA AATGGTTGCT GAATTAGAAC GCCCATACAT 360  
 45 TTTAGTAACA GATAAGAAAA TCTCGTCTTT CCAAGATATC TTACCTTTAT TAGAACAAGT 420  
 GGTTCATCT AATCGTCCAA TCTTAATTGT AGCTGATGAA GTTGAAGGCG ATGCATTAAC 480  
 AAATATCGTG CTAAACCGTA TCGTGCCAC ATTTACAGCT GTTGCAGTAA AAGCACCTGG 540  
 50 TTTTGGTGAT CGTAGAAAAG CGATGCTTGA AGATTTAGCT ATTTTAACTG GTGCGCAAGT 600  
 GATTACTGAT GATTTAGGCT TAGATTTAAA AGATGCATCA ATTGATATGT TAGGTACTGC 660



	ATTTACCGTC TTATGATAGT GCTTTTTATT TTTATTTCAGT TGGTATATCG AAAGGTAAC	1140
	GCTTTGGAGT TTCTTCAGTC AAATCGAAAT TTCCTGCAGT CATTTGATTT AAAAAAGTTAA	1200
5	TAAACGCTTC ATAGTCACTT TTAACGACAT CGATATAGTA GCTTACCTTA TCAGTGTAAG	1260
	TTTGTTTTCT TAACATAAAA TGAGTTGAAG CTAATTCATA TTCAAATTTA CCAGTTTGAT	1320
10	CATAATTCAG TGTTACTATA CATGGTACTG CTTCTCGTAG TTCGACACGC CCGATATCAT	1380
	AAATGACGTC TCTAACAGCA CCGCTATAGG CGCGAATTAA ACCGCCACCA CCTAATTTAA	1440
	TACCACCAA ATATCTTGTT ACTACGACAC ACGCATTATG aACATCGrGC TTTTTTaATA	1500
15	TGTCTAACAT TGGGaCACCG GcAGTTCctG TCGGTTcACC ATCATCATTC GChTTTTGAA	1560
	TATTCATTtC AGGTCCAATA GTATATGCAG AACAATTATG AGTGGCATCT TTATGTTCTT	1620
	TTTTTATTGC AGCAATAAAT GCTTTaGCTT CATCTTCATT TTGAACAGGT TTGATATGAG	1680
20	CAATGAATCT TGATTTACTA ATCACATTTT CAATAATGTG TTCTTTTTTA ACAGTAATGA	1740
	TATTTTGTGT CATAATAACT CCTTAATTCA TAAGCTTAAG ATTATTTAAT CTTCATTATA	1800
	CACTGAAAAT GACATGACTA TAAATCGTTT GATTGCCATT TTCTTTTTTA CTGAAATATT	1860
25	GTATCATTGC TATGAGTATA TTTTAGGAGG ACGACTATGA AAATTGCTGT GATGACCGAT	1920
	TCTACAAGTT ATCTGTCGCA GGACTTAATC GATAAATATA ATATTcAAAT AGCGCCATTA	1980
30	AGTGTGACTT TTGAAGATGG CAAGATTATA CCAGAAGAAA AAGTTCGTAC TAAAAAGCGT	2040
	GCCATTCAAA CATTAGAAAA GAAAGTATTA GATATTGTAA AAGACTTTGA AGAAGTAACT	2100
	TTATTTGTCA TAAATGGAGA TCATTTCGAA GATGGTCAAG CGTTATACAA AAAGTTACAA	2160
35	GATGATTGTC CTTcAGCTTA TCAAGTAGCA TACTCTGAGT TTGGTCCAGT TGTTGCAGCA	2220
	CATTTAGGTT CTGGTGGATT AGGTTTAGGC TATGTTGGCA GAAAAATAAG ATTAACATAA	2280
	TTATAAAATT TTAATAAAAG AGTCTATATT GTAATTGGAA ATTATCTCTC GTATACATGG	2340
40	CTTTAAATGT TCATCATTG AAAGCCAAAA TGCTAAAGAT ATAAGAAAAT CATTATAATA	2400
	TTAGGCTcTT TTTTACGTTG AAATGAGGTT TTAAGCATTAA AACATTACGG GAAATTAATT	2460
	CATCCTCATA CTTCACTTAC TAATGAAAAA ATTAAAAAAG AAGTAACAGG TGTCATCAAA	2520
45	CAAAATTCAA ACTATTATTG TGTTCAATGT GAAAGTACAA ATCCAAAGCA TTTTATCAG	2580
	TATGATTcCT CAGTACATTC CAAGAAAATT GTATATTGCA GAAATTGTAT ATCACTGGGT	2640
50	CGAATGGATA ATGTAACAAG ATATAAAATA ACAGAGAGTT CGCAAAGTTC ATCACAAGCA	2700
	TATTATCATC TCTCATTTGA ATTGTcGGAA CAGCAGTCTT ATGCCTCAGA ACATATTGTT	2760
	CGAGCCATTA GAAAGAGACA AACGATTTTG TTATATGCCG TAACAGGTGC AGGTAAGACA	2820

TAAGTTCAAA AAAGAATTCA AACCTGTTAT GCACTTAAAA GGTGATGCAT TCAATCAACA 4920  
 GTTACAATCT TTGATTAAACA AATATCCACA AATACAAAAA AATATGAAAT CAGAGTTCAT 4980  
 5 TGCTTATTAT GATAAAGAAA AAAATAGAGA AACAGTAAAA AACTATGCTT GGAACCTTCA 5040  
 AAAATCTATA AATGACATTA TGCAATCATA TCCTAGCACA AAATTTGTAC AGTTTTATAA 5100  
 10 AAGATGATGT TTCCCCGTCA ATGGTAGATG GAAATGGCCG TTAAAAATCG GGATACTAAT 5160  
 GTATTTCCAT C 5171

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 265:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3589 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 265:

CTACACACTA AACCTATTTTC AGTTATGGGT GGTACAGTGA TTCTCTTTTC ATTTTTAATA 60  
 25 GGTATTTTGA TTGGTCATCC TATTGAAACA GAAATCAAAC CACTTATTAT TGGTGCGATT 120  
 ATTATGTACG TACTTGGGCT TGTAAGATGAT ATCTACGATT TGAAACCGTA TATAAAATTG 180  
 GCTGGTCAAA TTGCCGCTGC CTTAGTAGTT GCTTTTTATG GTGTGACTAT TGATTTTATT 240  
 30 TCGTTGCCAA TGGGTACAAC GATTCATTTT GGATTTCTTA GTATTCCAAT TACTGTGATT 300  
 TGGATTGTTG CTATTACAAA TGCAATTAAC TTAATTGATG GACTCGATGG TTTGGCGTCG 360  
 35 GGTGTTTCKG CAATCGGACT CATTACAATA GGGTTCATTG CAATTTTACA AGCTAATATT 420  
 TTCATAACGA TGATTTGTTG TGTTTTATTA GGCTCTTTAA TTGGGTTTTT ATTTTACAAT 480  
 TTCCATCCTG CCAAAATATT TTTAGGTGAT AGTGGGGCTT TAATGATTGG ATTTATCATC 540  
 40 GGATTCCTTT CTTTACTCGG ATTCAAAAAT ATTACAATTA TTGCATTGTT CTTCCCAATT 600  
 GTTATCTTAG CAGTTCCATT CATTGATACT TTGTTGCAA TGATTGACG TGTGAAAAAA 660  
 GGGCAGCATA TAATGCAAGC TGATAAATCG CATTGTCATC ATAACTATT AGCTTTAGGC 720  
 45 TACACACATA GACAAACAGT ATTATTAATC TATTCAATCT CTATTTTATT TAGTCTTTTCG 780  
 AGCATTATTT TGTATGTATC GCCACCATTA GGTGTTGTAT TAATGTTTGT ATTAATCATA 840  
 TTTAGTATTG AATTAATTGT TGAATTTACA GGATTAATAG ATAACAATA CCGACCAATA 900  
 50 TTAAATTTAA TTAGTCGTAA GTCATCTCAT AAAGAGGAAT AGGGAATGAA AGCATAGCTG 960  
 TATGGGATAA TTTGTATTAT ATGGCTTTAC TCTTTACAAT TTTTTTGTAT TAAATTTCAA 1020

	GTTTTCAGTC CGTATCCCGT CATTTTTTTA CTAATGCTTT GATTATCTTG ACTCACTAAA	3120
5	CTATGACTAA TAAATGGTAG CCCATAATT TTGAACATTT CTATTTCTTT AATTCCGGAT	3180
	TTTACCCAAT TTTTCCAGA TTTATAAAGT CTTACTCTTG TTTTTCGTT TGCTAAGCTG	3240
	TCATGAAATG CTTTCTGTCT TTTACTCATG TAATAACTCC TTGTATTATC TTTACATTCA	3300
10	TTAGATTATA ATATATGCCA CTATTCAATT TAATACAACT CTTTTTTGAT ACAAAAATAC	3360
	TCATTTTGTT AAAATTTGTA AAAATTCaTT TTTATTCGTC TAAATGTAAT CGTTTTCATA	3420
	TTTTTAAAT TACTTTTTCT CGTTTATGCG TATAATCTTT TTTTATATAA ATTTGGCTAA	3480
15	TTGGCTTTAT GTTTAATCAT TATAATTGTT TCGTTTTTAA AATAATTATT GTATTAATAT	3540
	ATCTATACCA TCCACCTTTT ATTTATAAAT AGTTAATTTA CAACTAAACG ATAAATATTA	3600
	TATGCAAAAT ACATCTTTAA TATTAAAGTA ATACCAATAT TTTTCAATA AACCTAGTGT	3660
20	AATATATGTG TAATTCTAAA AGATTCTTCT TTAAAAATAT AAATACCAGG ACATATTGCT	3720
	TTAACATTTT CATTTATAAA GCGAAAAAAT GCATCGCTAC TAAGTTGAAT GTTTAGTAAG	3780
25	GATGCATTGA ATTCACTAAA ATGATTAAAT TACTTATATC TTTTCATCTG ATTGATTATC	3840
	GAAATTTCTT CCTTCTAAAC CTGCTAACTC TTCTTTAGAA GCTGCAGGTG CTTTCATTTT	3900
	AAATATCTCA TTCACTACTG TGTAATCGTA ATATCCTAAT CTGGCAATAG GTTTAATCGA	3960
30	CTTAATGTCC AATTTACCAT TATCAAGAAT AACCTTATCG TCAATATGAA CTTGGGCAAC	4020
	TCTTCCTATA ACAATATCTA CGGTAGATAC TGGATCTCCA GTTGAATAC GAATCGTTTG	4080
	AACGTACTCA CATTCAAAAT GAACTGGCGA TTCTTTTACA CGATATCCTG GAGCTTCTAT	4140
35	ACATTTTTC TTTGTTACAC CTGCAAAATT AAATTCATCC TCTTCTGGTG GCAATGCTTT	4200
	CGATGATAAA TTAAGTGCTT CTCTTAAATC ATACGTTGCC ATATTCCACA CAAACCAACC	4260
	TGCTCTTTCA GCATTTTTC CTGTATCTTT ACGTTCGTGA TCACCAAGAA CGGATTGATT	4320
40	TGCTGCGAAC ATAACCATAG GCGGATCCCA AGTTAAGTTT TGATACTGAC TATAAGGCGC	4380
	TAAATTATCT TTCCCATCTT TCGATACAGT AGAGATCCAC CCTATTGGAC GTGGTACTGT	4440
45	ACTACTTTTA AATGGGTCGT GCGGTAAACC ATGACTTCTT ACACCTTGTT TTGGCGAATA	4500
	ATTCATACTA TCTTCACCCC TTATAAGTAA TTACATTTAA GGTACGCCC TCTTTACATA	4560
	AGCGTCTAAT ATAAATAAAC AATTTATTTA TAAGTAGAAA CTATATATGA CGTGGTTGCT	4620
50	TATAATTTGC GTTCTTGATT CGAAAAATTC AGATAAGGAT TTATACAATT AATATTTATG	4680
	ATATCTTTTG TAAATTTAAT TAATTATAGT TACTTCAATC ATGATTAGTT TATAATAATA	4740
	AAGTGAAATT GAAAAAGACA GCTATTATGC GATGAGCGAA AAACCTCAAG TAAAAACAAGA	4800

55

ATTGGTGTCA CTGTTGGTGC TGTCGTATCC ACAACATTTA TTGTAAAAGT TGTCGTGCGAT 1320  
 TTGTTATTTG CTTGGTCAGT AGACACAACT GTCAGTGTG ATTGACCAAT TTTTGTGGT 1380  
 5 GTCCCAATGA TTGAATTCGT TGCAGTATCG TAACTTAATC CGCTTGGTAA TCCTGTAACT 1440  
 GTATTTGTCA CAGTCCCAGT ACCATTATCC GTTGTAGTCA ATACAATAGG ATTCATTGTT 1500  
 10 TTACCCACTT CTATGGTTTG ATTGCCTACA GTTACAGTTG GTGCTTTTAC ATCAGTAAAA 1560  
 TAATATGTCA CTGATTGTCC AGCATTTCGT ATTTTTACAG TTTTATTTGT ATCATTATAA 1620  
 GTTGACGCAT ATGAACATC GACGGACGTG TAGTTATATC CTTTAGCAGT CAATGCAGAT 1680  
 15 TGCTGaTTAT CGATTGTCAC GACTTGATCA ACATTTCTG AATATGTTTT TGGTGGAATA 1740  
 ATATCTTTAC CTGTTGTTAC ATCAACGTAT CTCAGTTGTG TAnCAGCAGA CTCTGTATAT 1800  
 TCGAATGTTT CAAATTGTAC TTGTTGTAAA TTTGTGCGCG CACCTGTTGA GGCTGTCATT 1860  
 20 GATAATGAAA AGTTGGTCGT ACCACTTTTC GCAATCCAAT CTGAAATATT ACGTGTCCAT 1920  
 GTTTGACCTG CATATTTGAC AGTCATAACC TTTGTATCAC CATTATAGTT AATATCAAAA 1980  
 TCTTGGAACG TGTTATTTGT AGGTTGaACA TTTAACTTCG CAGCATTATC AGCTGTTGAA 2040  
 25 CTTGATGTAT ACGTTGTCGC AACACCATAA CTATCTGTTG TTACAAATGC ACCAAACGCA 2100  
 CCTCCACCAG CTACATTAGA TGGGTCAGCA TTCGCCTTTG CAGCTGAATT TGGTTTAGAT 2160  
 GTATTGTGAT ACGTATCCAA TTTGAAGCCA AATGCGTTAC TTAAGCCACC AATACCTACT 2220  
 30 GCGGCACCGT TTAACCCTGT TTCACCTAAT ACACCTGGTG AAAAGGCAA ACCGATACCA 2280  
 TCTCCACCAT TTCCATGCCC TTCATATTTG TTACCTAAAT TTACTTTTCC AGAAAAATGA 2340  
 35 AAACCTTTAT TAGAGTCAAT ACGTGTTCCT AATGTAATAG CACCTTTTTG GCTGTATGCA 2400  
 TCCTGTGTTA ACGTCACAAT ACCGGTACTT TGATCATAGG TAGCATTACC TGACGTTGTC 2460  
 ATATATTGTT TTAAGTTATC TTTATTAAC GTAAATTGTAT TAGCAGTTAC TGCGGTTGTC 2520  
 40 GTCgCTGctG ACGCAAATGT TGACATAGCT AAGCGACTGA AAGTTCGAAG TTTTACTGGT 2580  
 GCGGTGCTAG TTGACGTTGT GCTAGTTTGT TTTAAGTTGA CCGAAGATGG CGTTGTGCTT 2640  
 TGtGAAGTGT TATTTGATGC AGTACTTTGA TTTGTTGATG TATTAAATTGG TTGTTCTGTA 2700  
 45 CTTGAAGTTG AAGCTACAGA TTTAGTATCA GAACTTGATG TAGTATTCTT TGAGGATGTT 2760  
 GATTCTGATG TAGATGTCAA TTTCTCTTGT TGATTGCTTG TACTATTAGT TGTCGAAGTG 2820  
 ACCTTTTCAG ACTTTTCACT TGAGACTGTG TCACTATTTG ATGTTTGTAC CGAACTACTA 2880  
 50 TTTtTCGTTA CACTTGTGGA ATCGGCTGTT GATGTTGATG CTTGATTGT CGTTGAGTTT 2940  
 TGATTACCTA CTGTTTCACT TTGTGTGTTT AATTCAGAAG TTAATGGTGC ATCAGAAGCC 3000

55

TAATCTATAT ACAAGTGATG CACTCCATTA TTTTAAATA ATGACAAACT CTCAGCTCTT 6960  
 AACCAAAAAG TCCAACAAAT TATAACTGCT ATTATAATTG CTTCGGCATC GCACCCTTTC 7020  
 AAATTTAGCT GTTAGCAGAC AGTAATCTAa ACTTTACTCA TGATTGATGC GCCTC 7075

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 264:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5171 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 264:

AGACGTA CTT TGTGATTmCG AAGyrCGTAC TgmAGCACTT GTCGACGTTG ATGTACTTGT 60  
 TGAACCTGAT TGA CTAGTAC TTTGTGATAA TGACTTACTA TCAGAATCAG ATGTACTTTG 120  
 TGAATCACTT AATGATTCTG ATGTACTACC TGACTGAGAC GTGCTCATTG AACTACTTAC 180  
 GGACATTGAT T TACTGTCTG ATGCAGATAA TGACCCACTT GTACTGATAG AGTCACTTAC 240  
 TATCTCTGAA GTACTCATCG AGTCTGATGT ACTTGTGAG ACACTTTGTG ATGCTGCTAT 300  
 GCTTAGTGAT CCAGAAACAG AACC ACTTGT GCTCGTCGAA TCGCTCAATG ATTCTGATGT 360  
 ACTCATCGAT TTTGAATCAC TTGTACTTAA TGATATTGAT GTACTTTGTG AATCTGATTT 420  
 GCTTGTTGAC GCACTTTGAG AGTTGGCTAT GCTATTTGAA ATACTGATAG AGTCCGAGGT 480  
 GCTAGCTGAC TCGCTCAATG ATGTTGATGT ACTAATTGCA TTCGATGTAC TGTCACTTAA 540  
 TGATGCTGAT GTACTAGACG ACCCTGATAT ACTCGTTGAT AAGCTTTGTG ACTTAGACAA 600  
 GCTTCCTGAT GTACTCATA TTAATGAGTC ACTGAGTGAT GTTGATGTAC GCAATGAATC 660  
 AGATSTACTT GTTGATAGAC TTTCGGATTT TTCAGTACTG CTAGAGTTTG AAATAGAATC 720  
 GCTTAATGAT GTTGATTAC TAGCTGAATC CGACATGCTT GATGATACAC TTTGTGAATT 780  
 CACTAAACTT GTGCTTGTG AGCTTGATAC ACTATTACTT TCAGATGTGC TTAATGACTT 840  
 AGATGCACTC ACAGAATCAG ATAGGCTTAC ACTTGTCGAT TTCGAGGTAC TAGCTGATGT 900  
 AGATAACCACA ATCGATCCTG ATGTACTCGT TGATGCACTT TGTGAGTCAG CTTTACTTGT 960  
 TGACACACTT TGAGATTGTT GTGTACTTCC TGATGTTGAT ACGGAATCAC TCATGCTATT 1020  
 TCTTGTTACT TCATATTTAA AAGTTGTCGT CGTTTTGTTA CCGCTCGCAT CTGTAGAAAC 1080  
 GATTGATATA GTACTTGAT CAATGTTTGT TGGTGTACCA CTAATAGTAT TATTTGTACT 1140  
 ATCAAATGTT AGTCCGGATG GCAATCCAGT CACTGTATTC GTCACCGCAT TTCCACTGTT 1200

5  
 10  
 15  
 20  
 25  
 30  
 35  
 40  
 45  
 50  
 55

TGATATGTTG TATATGCCAC TCGTTTTAAA CCATAAGCAT CTTGCAATAC TTTTAGAGGT 5160  
 ACAACAGATT GAATCGTAGA GCAGTTTGGA TTGGCAATGA TACCTCTTGT AAATGTAGGT 5220  
 TCATTGACTT CCGGAACGAT TAAATCAATA TCTTCTGCCA TACGCCATTG ACTTGAATTG 5280  
 TCTATAACGA TTGCACCAGC TTTTTCAAAA AGTGGGGCAA AGTGTTTCGCT TGTACCGCCA 5340  
 CCAGCACTCA TTAATACATA ATCGAAATGT TCACTTGCAC GAGCATCAGT TAATTCTTGA 5400  
 ACTGTATATG TTTTTCCTTG AAATTCAACT TCTTGCCCTG CAGAACGTGC TGATGAAAAT 5460  
 AATACTAATT CATCGAAAGG AATATTTTTA CGATTTAATG TCTCCAACAT TTTTGTACCT 5520  
 ACTAATCCTG TTGCACCCAC AACTGCTAAC TTTGTCATAA CTTGTCACTC CATTTTATAA 5580  
 TAATTTCCaA TTTTLAGAAT ATTTTAACAA TCATTTTACC ATTAAATGTT AAATGCGTCA 5640  
 TATAGTTTTT CTACCGCTTG TTGCCCATTA AAATCATCAA TGACGTATGA AATACTTATT 5700  
 TCAGATGTTG TTGTTTGGA GAAAGGTATA TTATTTTCAA TTAATGTCAA AAATGCTTTT 5760  
 GATGCCACAC CTGACATATC ACGCATGCCT GAGCCAATTA ATGAAATTTT GACATAATGC 5820  
 TCATTGATTT TATAAGCTAA TGCTTCATAT TGATTCTTTA ATGTTTCAAG AATCATAGAA 5880  
 ATTTGATGAA AATCACTATC TTTAATCGTG AAGGATAGTT GTAGCCCATC CAAGTTGACG 5940  
 ATTTGTGAAA TCATATCAAC ATTTACAGCA CCTTCTTCAA GTTCCGTAAA TAGTTGGGTA 6000  
 AGTAGCTGAT TGTCAGGTAG GGGATAACTA ATTGTTACAT GCATCATATG TTTATCCAAA 6060  
 GCCACACCAG TAACTGCTTT TTTCTCTAAT ATTTCTTCAT TTGACATAAT CCATGTTTCT 6120  
 TTCACGTTCTG ATAAAGTTTT TCCTAAATAT AAAGGGATAT TATAGTTTTT AGCTAATTCA 6180  
 ACACTTCTTG TTTCAAGTAC ACCAGCACCT AAAGCGCTCA TTTCCATCAT TTCTTCATAT 6240  
 GAGACGATGT CTAGTCGTTT AGCCTTTGGT AAAAGTCTTG GGTCAAGTGGC ATACACACCA 6300  
 TCAACGTCGG TATAAATTTT ACAAGGTATT TGATTACTAA CAGCAAGTGC CACAGCGGTC 6360  
 GTATCAGAAC CACCTCTGCC TAAAGTTGTT AATTCCTGAT GTTCATTGAT GCCTTGAAAT 6420  
 CCAGCAACTA CTAAAATATC GTTTTCTTGA AAGGCTTGTT CAAATGTTTG AGGATTAATT 6480  
 TGAGCAATTT TACTTTTTTAA ATGATGGCCA ATGGTTTTAA TACCCGCTTG ATAGCCAGTC 6540  
 ATTGCTTTGG CATTCATACC GATATCATTT AATACCATTG ATAAATAAGA TACAGTTTGT 6600  
 TGCTCTCCGG TTGTCAATAA TAATGCCAGT TCTTGTTGTT TTGGTGCTTT AGTCAAGGTT 6660  
 GATACATTCG TCATTAATTG ATCTGTTGTG TTACCCATAG CACTTACAAC GACAATTAAa 6720  
 TTGTTTCTCT TGATTGACTC GCTCCTTTAA CATTTCAGCG ATCCTTTTTT TTTTGTAAa 6780  
 ATCACTGACG GATGATCCGC CAAATTTCAA CACACTTCTT GTTACCATAT AATCCTCCTA 6840

	TCGAAATCAT CAAGTAGGGG AACAGCAGCT GCTAAAATTT TAGTCAATGC ATGAACGCCA	3360
5	TAACATCATGT TCGCGCTGAA AAACACAGGC ATATTTTGAC TCAATTCATC TAACCTATTA	3420
	AGTAGTTTTT CTTTCTCGnC CAGTgTTGCC ACAACTAATG GCAAATGAAA ATCTTCATCT	3480
	AATAAAGGGA AAAGCAGATT TGGATTTGAA AAATCTATTG CAACATCGGC ACCTTTAACA	3540
10	TCTGCAATAT GTTGATATTG TTGATATGGC GTTGTGTGCTT TCGGTGTATT TTCAATGACC	3600
	CCAACGATTT CATGTCCTTT TTCTTCTGCT AATCTAGCAA CGCGTTGATT CATTGCGCCA	3660
	TAGCCAATTA GTAATATTTT CACTCATTTT CACCCGCTTT AAATGTGTCA TATGTTTCAC	3720
15	GAAGCACTTT AGTATCTGTA TCTTCTAGGC TAACCAATGG TAGACGTAAT TCATAATTTT	3780
	CAAATCCTAA ATAACCTGTT AGAGCTTTAA TAGGAATTGG GTTAATATCA ACTGATAAAG	3840
	CTGATAACAG TGTGCCGATT GGTTTAAATT GATCTTGAAT ATCTAATCCA CTTTGTGAG	3900
20	CATCGTATAA CGCTTGAAAT TCTTTAGGAA TGACATTGGC AATAACAGAG ATAACCCCTT	3960
	GACCGCCACG TTGATAGTAT TCGACGACGT TGTCATCATT GCCACTATAT AATGCAAATG	4020
25	AATTTGTATC AATGCGCTTT TTCACCTCTT CTAAATACTC AAAATCATTC GTAGCATCTT	4080
	TTAAAGCAAC TATATAAGGA TGTTGACTTA ATATTTCTAC AGTTTCTGGT TCAATTGTCA	4140
	TGTTTCGTTCT TGAAGGAACA TTGTACAGCA CGACTGGTAA TTTACAGCA TCTGCAATCG	4200
30	CTTCAAAGTG TTTGACTAAA CCACGTTGGT TCGTTTTGTT GTAGTAGGGC GTAATTAACA	4260
	TAATTCATC AGCCCCTAAG GCTTTAGCTT GGATTGAAGC TTGGATTGAC TTTTCAGTAT	4320
	CATTAGTGCC AGTTCCTGCT ATGACAGGAA CACGTTTATC TACAAGATCA ATAACCTGTTT	4380
35	TTAGAATGCG TTCTTTTTCA TCTGTTGTTA AAGTAGGGCT CTCAGCAGTA GTTCCATTAA	4440
	CGATGATTGC TTGGGCATTA TTTTCTAGTA AAAAATTAAC GTGTGTTTTT AAAGCTTCAA	4500
	TATFAACTTT GTTATTTGTA AAAGGGGTTG TAAGTGCaAC sCCAACACCC TCAAATAAAT	4560
40	GTGTCATTTT AATTCGCTCC TTTTAAACGC ATAACCTGTT CCAATACTTG TACAGCATTT	4620
	AATGCAGCAC CTTTTAATAA ATTGTCTGAT GTACACCATA CATGGAAAGT ATTTTCTAAT	4680
45	GAATCATCTC TACGTATACG GCCAACAAAC ACTTCATCTT TATTAGTAGA ATTGATTGCC	4740
	ATTGGATATT CATTGTTCTC TGGATTGTCT ACTAAAACAA CGCGGTCATC TTGATCAAAT	4800
	AACGCTTTAA TATCTTCTGC TGTTGTTTCT TTGTCAAGCG TTACATCAAT TTCAACACTA	4860
50	TGACTATCTT GAACAGGCAC ACGTGCGCAT GTTGCTGTTA CTTTAAAGTC TGGCGCATTT	4920
	AAAATTTTTT TCGTCTCATC AATCATTTTT TGTTCTTCTT TTGTATATCC GTTTTCTAAA	4980
55	AACACATCAA TATGCGGTAA CACATTATTA TAAATTGGAT GTGGATATGC TTCTGGTGCT	5040

ACATGACTTG ACAGGCCTGT TAAGAAAAG CGATACTCTG TTGCGCTGGC CGTAATTTCT 1560  
 TCATCTCTTA TCACTGCAAT GCCTTCATCA GCAAATGGGT TAACATGAAT ACCAAATACC 1620  
 5 GCTTCAATTG GATACTTATC AAAGGCACCG GCTTTTATTA ATCGATTGTC ACCGCCACCA 1680  
 GTTCTTCTG CAGGTTGGAA AATGAAAACG ACATTTTGCG GTAATTGACC TGCATCTTGC 1740  
 10 ATGTCTTTGC AACGTTGTAC AAAAAGCATT AATGCAGTTG TATGACCATC ATGTCCACAA 1800  
 GCATGCATCA CATGATCAGA TTGACTGCGA TAAGGCACAT CATTTTCCTC TAAAATAGGT 1860  
 AACGCATCAA TATCAGCTCT ATACGCTATC GTATGTGAGC CATTACCTTC TAAGTATGCA 1920  
 15 ATGACGCCAG TTTCCAATGG GCAATCGTAT TTAATATTTA AACTATCTAA AAACGCTTTA 1980  
 ATATAAGCAG TTGTTTCAAA TTCATGTAAG CTTAATTCAG GATGTTGATG TAAATGACGG 2040  
 CGATGTTTCG TAACAAATTC TAATTCATTC ATAATTATCA ATCCTTTGTG TTAAATTACT 2100  
 20 ATATAAATAG TGTAACGtAT TTCGAAATTT GTGATCATAA GTTTATTCAA TGCTAAACAA 2160  
 TAAGGTTGAG ACATAATCGT ATCTCAACCT TGAAATTATT ATACGTTGAC GTCAGTAGTC 2220  
 ATTCAGTTTT CTTAATGCTG CTACAATCTC TTTTTTAGTA TCTTGACTT CAGAAGCTTG 2280  
 25 CTTAATCACT TTTGCAGGTG TACCAGCAAC AACTGCACCA GCTGGTACAT CTTGTGTCAC 2340  
 AATCGCGCCA GCTGcAACAA TAGCACCTTT ACCAACACGT ACACCTTCTA AAATAACTGC 2400  
 ATTTGCACCG ATTAATACAT CATCCTCGAT TATAACCGGT GAAGCACTAG GGGGTTCAAT 2460  
 30 CACACCTGCT AATACTGCGC CAGCCCcTAC ATGTACATTT TTACCAGTTG TAGCACGACC 2520  
 ACCGAGAGTA GCATTTCATAT CAATCATTGT ACCTTCGCCA ACGACTGCGC CAATATTAAT 2580  
 35 TGTTCGCGCC ATCATAACGA CAGCACCATC TTCAATAATG GCTTGTCTC TAATAAACGC 2640  
 ACCTGGTTCA ATTCGTGCAT TCGTATTTGT TAAGTCTTTT AATGGAATAG CAGAATTGCG 2700  
 ACGAfCCATT TCAATTTCTA TATCTTCGAA TTGACTACCA TATGCTTCGT AAAAAGGTTT 2760  
 40 CCAATCATCC GCTTCACAAA AGATTACTTT AGATTGTTCT GAACCAAATA CTTTAAACT 2820  
 TTCTGGATAT GTGATGCCTT CAAAATTACC ATTTAAATAT ACTTTTATTG GTGTAGACTT 2880  
 TTTAGCATCA CTTATATATT GAATAATTTT TTCAGCTGTT AAATGTTGTA CCATAAAATA 2940  
 45 ATCGATCTCC TTTAATATGT TTATAAGTTG TCAAACGTAT AAAAGCCGTT TGGTTTATTA 3000  
 ACTAAGCGTT CTGCTGCTTG TATTGCACCA TTCGCAAAA TATCTTTTGA TTGTGCACGA 3060  
 TGCGTGATTT GAATCGTTTC ATCAGTGCCA GCAAATAGAA CTTTCATGTT ACCGACAATC 3120  
 50 GTACCTCCAC GAATAGAATG TATACCAATA TCTGTGGCT GGC GTTTTTTC ATTTAATTCA 3180  
 TGTCTATCAT ACACAGGTGT TACATTTTCT TTCAAAGATA CGATCACATC ATACAATTTT 3240

55



## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7075 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 263:

10 TATGGCTCAT CATTAAATGCA CGTATCGGGT AGCGTTTACC ATTGATAAGT GCTTCATGTT 60  
 TAGCACGAGT TCTTAAAATT CCATCGCCAT AACCGATATC AACTACAGCT AATTTTGTAT 120  
 15 TGTTTTTAGT CACTTCAAAG GCAAAGCTAT AACCGCAATA ATCACCAGCT TGTACTTCGC 180  
 GCACTTGAAT AACATGTGCT TTTAAAGTTA ATGACTGAAC TATATCATGT TGATTCAGTG 240  
 AACTATATGG TCTTGAACCG TATAACGCAA TACCTACACG CGCATGTGTA TGGTGGGGTA 300  
 20 GTAATayyyg TCCTTCCCGA TAAAACTCG CACTATTTTG AGCATGGATT AGGTTCGAACT 360  
 GATAACCTTC AGATAAAAAGT GCTTCAACAA TTTCCATCCA TTGTGAACGT TCAACATTAT 420  
 AAtCTGACAC ATCGAATTCA TCAGCATATC CAAATGGGk CCATAAACCA CTAATAATCA 480  
 25 TTTTTCATT TTGATTATGA TGGTGATCTT TCAATACTTC TTTAATTTTCG TTTAAATCTT 540  
 TAAATCCAGA CCGATGTAAT AAATTTTCAA ATTCTAAGTG AACATGAATA CCAGCTAAAT 600  
 CATTTTTATG GTTATAGTAA TATGTCAACG ACGGCAAAGT CATGTGTATT TGATGTTTAC 660  
 30 GGACTAAATC AAACCTCGTAA ACTGCATTCA TTAAAAAGAT TGTTGCATCT GGAGCAAGTT 720  
 GTCTAATTTG AATTGCTTCT CGTAGTGATG TTGTGCTAAA TGTATCTATA CCTGCATGGA 780  
 35 TAACTGAGT TACAGCAAAT TCTAGGTCAT AGTGATATGC ATTaTTTTTA ACAACTGCCA 840  
 TTAATGGCTG ATTGTTTTTG ACTGTGATTG CATTTTGTAA AAATATTTTC TTATTTACAG 900  
 ACCATGTTGC TGTCAATGTA TTACACCTCT TTGTAATTAT TTAATAAATT TTCGTAAAAA 960  
 40 TTAACCACGT TTATTAACAC TTTTTCATCA AAATTTAAAT GTGATGTGTG CAAACCAGTT 1020  
 ACAAAACCTT TATCTTCATT TCGTGTTCTT ATAAAAACAA AGTAAGCTGG AGCTAGTTGT 1080  
 TGACCATAAA AACTAAAATC TTCCCCAAAT AAGAATGGCG TTGGTTTGTC ATAGACATTT 1140  
 45 AAATCAGCTT TTATTAAGGC GTCCTCTATT TGAGTACGTA ATTTCCGACT ATTGATTGTA 1200  
 GGGGGATAAC CTTCTGCAAA TTTAACTTCA CAATCTACAT TAAACAGAAG CTTGACACTT 1260  
 50 TCTGCTATCT TGTGCATTTG ATTTTAAACG ATTGTAAAT CATCAATATC ATATGTACGA 1320  
 ATAGTACCTT CTAAATAGCC ATTAATTGGT ACAGTGTTAA TCGCTTCACC AGCTTTAAAA 1380  
 TGACCAATAT GAACAATATT TCGTTTCAA CCGTTAAGGT GAAATTGTTG AATTTGTGAT 1440

AGCGTTTGAC TATATGCGGT ACGATTAAGC CAACAAATCC AATTGGTCCT GCCACTGACA 4020  
 CCGACATACC TGTAAGAATA ATGACTAATA GTCCAATGAT AATTCTAACT TTATTTATAT 4080  
 TT 4082

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 262:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1145 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 262:

TATTAGAAGG TCGTTCGGAT GAACAATTAA AAAATTTAGT TAGCGAAGTA ACTGACGCCG 60  
 TAGAAAAAAC AACGGGGGCA AATAGACAAG CAATTCACGT TGTATAGAA GAAATGAAAC 120  
 CAAACCATTA TGGTGTGGCT GGC GTAAGAA AGTCAGATCA ATAATTCTTC ATAAGATGCA 180  
 TGCCAATTAA TTCTTTGAAA ACGAACAAGG CGACTTCTAT CTGaGTATGA TAGAAATCGC 240  
 CTTGTTTATT TTTAATCTTC ATCTAAAAAG TCTTTAATAG CTTGTTTATT TGTGTTTTTA 300  
 TTAATCTGTA ATGCACTACC ATCAGTATTT GTATTGACAT CyTCGTATGA GTTCTTGATT 360  
 GGCaCAGTCA ATGACTTAAC ATCTTTTTTCA CCTCGGATAC CaAAACTCAA ACCTGTTTGG 420  
 AAAATCCCTG AATCAGGAAT GTTTGTATT ACATAGCCTC TTAAAATACC TGCAACTTTT 480  
 GGTAATTTAA CAACTGTTCT AAAATTAACC ATTTCTTTTT TCAATGTTTG CATCACTTGT 540  
 TGCTGACGTC GCACGCGTCC GAAGTCACCT TCAGGGTCGT GACGGAATCT TGCATAACCA 600  
 AGTAATTCTT TACCATTCAA CCTATGGTTA CCCTTTTTTCA AAGATACACC AATATTTTTT 660  
 GACATATCTT TTTCGACATT AATTGGTACA CCTTCAGGCA TTAATTCATC AATCATTTTC 720  
 TCAAATCCAG TAAAATCAAC TACTGCATAA TATTCAGGAT TAATTCCTAA ATTTTTATCA 780  
 AGTGTTTTTC TAAGTAGCTC TGGACCACCT AAAGCGTATG CTGAATTAAT TTTGTGTTTT 840  
 CCATATCCTG GAATATCTGC ATAAATATCA CGCATGACAG ACATCATTTT CATCTTTTTA 900  
 TTGATAAAGT CATATTGAAC AACCATGATA GAATCTGTTC TTGATTGTCC ACCTTGTGCT 960  
 TTATCTGCAC CGAGTACAAG AATAGAAATT ntACCATCAT TTTTTACTGG TCCATTAAAT 1020  
 TGATGTACTT TAACATCTTT CGCATGTTTC TTGGCATATT CTACACCGCT ATTGTAAC TA 1080  
 TGTACAATAT ATACAACTAA TGCCGATAAG TAAAATTACA ACAATCAGAA GAATGATAGG 1140  
 TAATT 1145

AACTTGAGAA CAATAATCCA CCCGTTTCAT CTGAGTAAAT AACCTTTGAA CCAATTCGTA 2220  
 AAAATGTCAT CCATGCAAAA ACAACTGCTA ATATTCGTAA AATTAACCAA CCAATTCTAA 2280  
 5 CGTTAAAAGC ATTGTTTCATT AGCCCGTCAG GTTTC AATTT ATCTTTTAAA ATAGTTGAAC 2340  
 AAATCAGAGT TATGATACCC GATAAAGTAA TTATCGTCAC AATTAAAAAT GGCATTACGC 2400  
 10 CACCTAATAC ATCTTTAAGC ACGCCTGCTA AAAATGCCAC GGGCAACGTT GTTTGCTTCT 2460  
 GTCCATCTTG TTCGACTGGA ATTGGTACTA AAAATAATAA GATACCAATT AAAGACATCG 2520  
 TAATAAACTT AAGTCTCCCA ATAACCTATCT CTTTCCTTGA AAAGCTATCC ATAAAATCAA 2580  
 15 TCCATTTCTC TATGTATTTCG TTTTAAGTAT ATACAGAATT CTATTCAGTT AACAAACATA 2640  
 TTCCTTATCA TTCTATCTTT CAAAATGTTT ATGTATGCAA AATAATGAAT AATTACAGTT 2700  
 ATTAATATA CGCTATTTCT TGTAATTTTT CAAGATGAAT TCAAAAAAGG TTAAGTACAA 2760  
 20 TTAAGTATTA CGTACTTAAC CTTTTTTAAA CTCTAATCAT ATGTTAGTTA TTTTATTCTT 2820  
 CGTAATAATA TTAAGAAGTA TGGTGACCG ATAATTGCAA TGATAACCCC AACAGGAATA 2880  
 TCCAGTGGCG GATGAATGCC ACGGGCTAAA CCATCTCCAA ATGTTAACAA TATAGCACCA 2940  
 25 ATTAACCCCG ACATGATAAT AACGTGTAAT GTTTTATTTT CTATTAATTG TCTCGCAATA 3000  
 TGAGGTGCAA TTAATCCTAA AAAGCTAATA CCACCGACAA CTGAAATTGC GGATCCTGCT 3060  
 AATATTACTG CTAAAATTAA CAATAGCATT TTAATAGTTT TAACTTTTAA ACCGAGTGCG 3120  
 30 GTTGCAACAG CATCACCTAG ATTCAATACA TCTAATTGAT AACTCAATAA AATGATGATT 3180  
 GGTATCGTTA TTAATAACCA AGGTAATATA GTATAAATAT TCGACATATC ATGTCCATAT 3240  
 35 AGACTACCTG TCAACCAAAC AAGCGCTTTG TTTGCTTCCA GTGGATTTCT GATTAATAAG 3300  
 AACTGCACAA TCGCCGTACA TATTGCGCCT ATTGCTAAAC CAATTAAGGC AAGCTTTGAA 3360  
 CCTTTAACAT CATATTTTGA AATTAAAAAT GATAAAAATA AACTTACTGC AAAGGCACCT 3420  
 40 AAGAATGAAC CTATAGGTAA TACAAACAAT GGTGCTGTTG GAAAGGTCAT AATAATAATC 3480  
 ACAGCAGCTA AACTGGCACC TTTAGAAATA CCTATAACAT CAGGTGAGGC TAACGGGTTT 3540  
 CTTATTACAG CTTGTATAAT TGCACCTGAA ATAGCCAAGC TACTACCGAT AATAATACCA 3600  
 45 AGTAATGTTT TAGGTATACG ATACTCATTT AAAATAAAAT CATCTTGTGT AAAGATTCCC 3660  
 TTAATAGCAT CAATCGGATG AATCATGACA GACCCTACAC ATAACTTAT GAATATACTC 3720  
 50 ACAATTAAAA GGATTGTGAT TAACTATAA CGACGTATAA TTTTCGTTGT CATCATATTC 3780  
 TTTTCACCCC TTTAATCGTT ATAAATAAGA AGTAAAGTGC ACCTACGAAT GATGTAACAA 3840  
 TCCCTACTGG TGATTCATAA GGATATGTAA TTAAACGACT TAATACATCT GATAGTAGTA 3900

55

	AGGCGTCTGA	ATAATTTGCA	ATAAAAATGC	TATGATTGCG	ATAAATAATA	TTGAATGCGT	420
	AAAGGTTTGA	TGTCCAAAGA	TCAATCTCAC	AAAAAACTA	ATTACCTTAA	ACCTTCTGCC	480
5	AATCTTACTT	TGAGTGTGAC	ATATATCGGG	TAATAAGCTA	GCTAGAGTTG	CTAGAATGAT	540
	AACCGTAACC	GACGAAAAAA	TATCCGTTTG	AAAATATTGT	GTTGTTAGCG	CTCCAACGAG	600
	CATGCCGCAT	GAAGCATGTG	TTTTACCTGT	CATATTTGTT	CTCCTTTAAT	ACTCACATTT	660
10	TACCACATCC	CTAACAAAAA	CACGAACATA	TTTTCGGGTT	AAAATTCATT	AGTATGACAC	720
	AATTTAAAAA	AGTATCACAT	AACTCTTGAA	AACGATTACA	AAATCGTTTA	TGATGTATTT	780
	ACAAAATATT	TAAAGGATGT	GTTTGAATAA	TGGCAATGAC	AGTAAAAAAG	GATAATAATG	840
15	AAGTGCGTAT	TCAATGGAGA	GTTGCTGATA	TCAAAATTCC	TACAAGTGAA	ATTAAAAATA	900
	TTACACAAGA	CCAAGATATT	CATGCAGTTC	CTAAATTAGA	CAGCAAAGAT	GTATCTAGAA	960
20	TCGGCTCAAC	GTTTGGTAAA	ACGAATCGCG	TTATTATCGA	TACTGAAGAC	CACGAATACA	1020
	TTATTTATAC	TCAAAATGAT	CAAAGGTTT	ACAATGAATT	AACTAAATAA	ATTGTATAAA	1080
	AaAATCATT	ATGGTGAGGG	CTTCATGAAT	GATTTTTTTA	ATTGATTCAA	CACCCAGCAT	1140
25	AAACAAATAC	AAAAGGACAA	CTGTTCCCAT	AATTTTAACA	GTTGTCCTTT	TTCACATATA	1200
	TTTATAACAA	AAGATGTGCC	ATCAAAGAAA	TAATTGGTAG	TGTAATGATT	GTTCTAATCA	1260
	AGAAAATCAT	AAACAATTTG	CCGATGCTTA	CAGGAATCTT	CGAACCAAGT	ATGACGCCAC	1320
30	CTACTTCAGA	CAAGTATATT	AACTGCGATA	TACTAAGTGC	CCCAATAACA	AAACGAGTTA	1380
	TATCATTTTG	TACACCTTCA	ATTAATATAG	AAGGTAAAAA	CATATCGGCA	AAACCGATAA	1440
35	TAATCGTTTG	AGAAGCCTGT	GCCGCTTCAG	GTATTTGCAT	TAACCTCTAA	AATGGAACAA	1500
	AAGGTTTACC	CAATATGACA	AAAAAGGGCG	TGTAGTTCGC	AATAATGGTA	GCAATAGTAC	1560
	CAATACTCAT	TACTACAGGC	AAAATAACAA	ACCACATATC	AATGACTGTT	TTAATCCTG	1620
40	ACTTAAAAAA	GTCAATAACG	CCCGGTGCTT	TAATACCTAC	TTCTGTTGCA	GTATCAAAGC	1680
	CATGTCTCAA	TGCCGTCTTT	CCTTCTGGCA	ATGCCTCAGT	ACGCGCACTT	TCAGGTACCT	1740
	CCTTAGCATA	CTCATCAGGA	ATTTTATTTA	AAGGCCAAAT	TCTTGGCATA	ATGACTGCTG	1800
45	CAACGAGGCA	GGATACTATC	ACTGATAAAT	AGAAAGCAAA	AAATTGATTT	TGCATGTGCA	1860
	CTGTTTCAGC	AACTACAATT	GCAAAGGTGA	TAGAACTAC	ACTAAATGTC	GTTGAAATAA	1920
	CTGTTGCCTC	ACGACGAGAA	TAATATCCTT	CACCATATTG	TCTACTTGTA	ATTAAGACAC	1980
50	CAACAGTTCC	GTCTCCAATA	AATGATGCTA	AATTATCTAC	CGTCGAACGT	CCTGGCAATG	2040
	TAAATAAAGG	TCTCATAACC	GGTCTAAAAA	TAGGACCCAA	CATCTCTAAC	AAACCGTATT	2100

55

TGCTGTTTCT TGAAAGTTGG TATTTGAAAG CATCCTTTTC GCAAAAATTT GGAGCAGTGG 6420  
 AAGAAAGTAA AAGTCAATTC AAAGATGAAG TGTATTCGCT ACTAAATATA TTTTGAAGA 6480  
 5 AATAATTTTT GTTACTAGTT TGTAATAATT AACTTACTTT TGTAACAAAA GACATGAGAT 6540  
 TATTTTTTTA AATCTATATA AAGTTGACAA TACAAATCGA TATTGAGAAT ATTAAGATGT 6600  
 10 ATATGAATTT TATAAATTAA ATGCAATACA TTAATATAAA TATCAATTGT TGCAAAATAC 6660  
 GATTTGTTCA ATGATTTGAT AATATTATTC TTTATATTTG TGAATGGTTA AGTTTGTCTT 6720  
 TGAACATATT ATAAAAGTGT AATGTTCCCC TGAAAAGAAT AAGTTGTCAT CTAATTACAG 6780  
 15 GAAATCCGCA TAAATTAGAT GAAATGGAAA GTAATAAGTA ATAATTTATT GATAAGCGCC 6840  
 TATGTGATGG TAAATCATGA CATAGGCGCT TTTTTTTATA AGTTAAAAAT GTAAATAAAA 6900  
 ATTATATAAA TTACCCACAT CTTTTTAAAA GGTGTGGGCT TTATTATCAT TAACCCAACT 6960  
 20 CACAGTGACG GGTACGCAA GGTATTGAAT TACCGAGTAC GGGCAGCTC GGTGTTGTAA 7020  
 AGAGCAAATA ATCAAGTAAT GATGATGCTT CTACTCGATT ATAAGAAAGC CATGATAGAG 7080  
 TACGATGGTA TCTAGTTTTA TTATTAATAG GTTTGGATAT TTAAAGTTGG ACAATATTAT 7140  
 25 ATCTTGTGCA AAAATATAAA TAAGTTATAC ATAATGGTAG AGAATCATGA TATAATTTTA 7200  
 AACGATAAAA TATTTATATA AATAATTAGA GAAAATGTAG TTGTGTATGT yTTGTGGtCG 7260  
 TTAAACTAGA TATAATTGTC CGATTTATAA AACATACATA ATGAATACaA TGATTGATTA 7320  
 30 TGTGGAGGAA ACCATGAmAG AmAAGTTTgA TTTAGTAAAA CTATTAAATA TTCTAAAGAA 7380  
 GAATATTAAA TTATTGCTTA TTTTACCGGC AATATGTCTT GTAGTAAGTG 7430

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 261:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4082 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 261:

45 ATTGTTACTC ATTATTTTTT CATATTCACA CAAATGATCT TGTTTATATT TAGCTAATTG 60  
 ATTTTATCT AGCATTTTAT CCTCCTGCTG AGTTTGTAAC CTTTAATAAT TTATTTTCTA 120  
 50 TAAAACTTA GTATTCCAGT TGCTTATTAT ATCATTGATG AAAGGCTGAA ATAAACATA 180  
 AACTGTTCCG ACCATTAACG CTGTAGCTAA AGATAAGTCT ACAAGTCCAC CTGTTTTAAA 240  
 TTGAATCGGT GTCTTCACAT TAAACGGTAA gGAKnAAAAT AATTTACGC CTTTGGTGT 300

	TTGCGTAACC ACCTTTCTTA CGTTTTAATG CTTTTGGAAA TCGGACAAGA ACTACTGCTG	4620
	CGTTAATAAT CCAGTATACT GTCGGATACC AACTTACAAA TATGAGTCCA GCCATATTCT	4680
5	TTTTCTCGTA GCGACTATCA ATAAAGAGTG CGACTGTAAA TTGAATAACG TTTATAAAAG	4740
	TCATAGTAAA TGATGATAGT AGAAATATTG AAAAATAATA TGTCATAAAT GTATAGTCTA	4800
	AGAAGTTTGC TGTTATGAAC AAATAGCCTA AATATAGAAG CACTATATAT ACCCATAAAA	4860
10	TCGAGATGAT TTGCTCAAAC ATCAAAATAT ATAAAGGAAA CCTTTTCGTT TTCATTGTGC	4920
	TAAAAAAGTC TCGTAGTAAT ACTTCGTGTC CCCCTTGAGC CCATCTCACG CGTTGCTTCC	4980
	AAAGACCTCC CAATGTTTCT GGAACCAACA TCCAACACAT GGCAAGCGGT TCATACTTAA	5040
15	TACGATATCC ACGTAAATGC AATTTCCAAG AACTGCAAT ATCTTCGGTA ATCATATCAG	5100
	TATCCCAGTA GCCAACGTCG ACAACTGCAC TTTTTTTAAA TAGAGTGAAG ACACCCGAAA	5160
20	TAGTATTGAC TGCGCCAGCA AGTGTCTGAC TtCGCTTAAT ACAGCCAATT AACTTGCAAT	5220
	ATTCTATCGT TTGAATTTTA CCTAAAATAG AACTCTTATT TCGAATTCTA GGATTACCTG	5280
	TAACTGCACC AAGTTTTTGA TCATGTTTGA AATTCTCAAT CATATAATAT GGTGCATCTT	5340
25	GATCAACGAT AGTATCTGCA TCCAAGCACA TTACATAATC ATATGAAGCC TGTTTAATGC	5400
	CTTGATTGAG TGCCTTGGCT TTACCTCTGT TTTCTTGTAAT ATCGACGAAA ATAAAGTCAT	5460
	TATTTTCTTT GATTTTATAG ATGAGTTCTG CTGTATTATC TGAAGTTCCA TCATTAATGA	5520
30	TAATAATTTT TTTCTTCTCG TATTTGAGTG CAAGAACATT AGACAACGTA TCTTCAAYCG	5580
	TTTCACTTTC GTTATAACAG GCAAGTAAAA ATGTAATGCC TTCTAATTCA TCCACATTTA	5640
	TGTCAGGCTT CTTGTTCAAT GAATATCTAA TTTCTCTGGT AAAATAGAAA TAAATTGAAC	5700
35	CGACAATCCA GTAAATAGAC ATAAATACAG GATAAAAAAG CAAAAAGTTA AAAAATTGCA	5760
	ATTCTTTTAC CTACCTTTTCG TTAGTTAGGT TGTAAGCCAT ATGGTAATTG ATAGTATTTT	5820
	AATTTGCAAT AGATTGTTGT TATAATTAAA CGGAAATATT TGTAATTGCA ACTTAATTTT	5880
40	CCTGTAACAT AGTGTGATTA ATTTTCAGTA GGGGGTTATA AAAATTGAAG GATAAGATTA	5940
	TTGATAACGC AATAACCTTA TTTTCAGAGA AGGGGTATGA CGGTACAACA CTTGATGATA	6000
	TAGCTAAAAG TGTAATATA AAGAAAGCGA GTTTATATTA CCATTTTGAC TCGAAAAAAA	6060
45	GTATTTACGA ACAAAGTGTT AAATGTTGTT TTGATTACCT TAATAATATT ATTATGATGA	6120
	ATCAAAATAA ATCGAACTAT TCAATTGATG CTTTATATCA ATTCTTATTT GAGTTTATTT	6180
50	TCGACATCGA AGAAAGGTAT ATTAGAATGT ACGTTCAATT ATCTAATACG CCTGAGGAAT	6240
	TTTCTGGAAA TATTTACGGA CAAATACAAG ATTTAAATCA ATCATTAAAGT AAAGAGATAG	6300

	TCTAAGAAAT TTAATACACG TTCGTAGTTA TAACCCATAT ATGCACCTAA GAAGAAATAA	2820
	AAAATCCATC CGAATATTAT AGTATTTTCA CTTAATGGAT AATAGTGTAG CACGGTATCG	2880
5	TGAAACGCTG TGTGTTCGT AAAGTAATAT AAAAATGATT GCTGTAAAAT AAAAGATAAC	2940
	AATAATAATA TTTTACTGTT GAATAGGTTA TAGTTAATTT TAAAAATGAT ATAACTCAA	3000
	ATAAGAATT GCATGATAAC AACGATAAAA TAGCCATACC ATTGACCTAA TAGGACATTT	3060
10	TCAATGAATT GTTTATTGAA ACTTGAATCT GTTAATAATG ATTCACTATA ACTGTAAAAC	3120
	AATCCCATTA ATATGTAAGG AATAAGTATA TATTTTACGC GTGTAGTTAA GTATCTATAG	3180
	GTGACTTTTT GGTAATTCAA GGTGTGTCAGT AACTGTGACA AGATAATAAA GCAAGGTGTA	3240
15	CCAAAAATCA CAATATTACG AATGTAAAAT TGTAACACTA AGGATCCACC CTCCATATTT	3300
	TCATGTTTTA AAGTAATTTG TGTAAGTAAA TGTGTGATAA TAATAATTGC ACATATAATA	3360
	GCACGTAAAT ATACGAGTTC AAGTCTAATC TTTTTCATGG AATCCGTCCC ATCTCTTAAT	3420
20	TAAATGCTCA AAAGCATCAT CACTAATTAA TATTCTAGGG ATGTAATAAT CATTGGAGTT	3480
	CGGAGTGACT GCTTTTTCCT CTAATGAAAA ACCGTATTTT AACCCAGCTT TTTTGATTAC	3540
	CGGTAATTTA TCGTCATTCA TCAAGCCATA AGGATAGGCT ATAGTTTTCT GCGACTTTTT	3600
25	AAAGTTTTTA GTTAGATATT TTTCATTTT GTTTAAATCT TTTATGATTG TAGCTTCAGA	3660
	AGCTTTCATT AATTTTGACT TATTATTTTT AGATAAGTTA TGCAAATCGT GGGTATGTGT	3720
30	TTCAAATTCC CATAACCCAG TTTTATACAT TTCTTTTAGT TCTTTTTTAC TAATCATATC	3780
	GAGGTTGTGA AAGTTTTCTT CCCCAACATG ACCTGTGATA ATAAACCCAG TTGCCGGTAT	3840
	TTTATATTTT TTTAAGATTG GATAAGCATT TTCATAAATA GTTTCATCCA TATCATCAA	3900
35	GTTAATCCAT ACACTTCGTT TTGGaAACTT ACCTTTTTTC TTGLAATATA AAAATTCTTT	3960
	CAAGGTTAAA AATTTAGCAT CATGTGATT TAGCCATTTT ATTTGAGATT CAAATTGTGA	4020
	TTGACTAACA CTATAATTTT TAATTTCTTT ACTACTAGAA AAGAAGTAAA TAAAATTATT	4080
40	CAGAAAATTC GCTTTTCTTA CACGGTGATA ATTTAATGCC AGAGCACTAT TTTCTTTATA	4140
	TTTCAGTTTT TTAGGTGAAT CGTCATCTGC ATTTGCAATA TGATGACCAT CCAGTGTGCT	4200
	TACAGGCAAT ATGATCAAGA TACTCAACAC TAAAATTATA AATTTTCTAT ACTTCACGAT	4260
45	TCTCTTCCTC TCTGCCATTT TTGAATCAAT ATGCTAATTG TAAAAAATAC AAAAATGATA	4320
	ATCGCGAAAA TGCCCATAGT TTCAAATATA TCTAAAATTT CAGTATTTTC AATGTTTAAA	4380
50	GCAACACGTA TTGTATTGAT ACTTTCGTCA TGAATTTCAA ATATAGTACC AATATAAACG	4440
	AGTAGAACAA CTAAACAATA TATCCAAAAG ACACAAGATA TAGCGATAAG TGCTGTTTCT	4500

55

## EP 0 786 519 A2

	TCGTGTAGAT TATGGTGCAG CACATGCAGC AAAATATGGA CATGAACGTT ATGGAAAAAC	1020
	ATACGAaGGA ATTTACAAAG ACTGGAAACC AGGACAGAAG GTACACCTAG TTGGACATAG	1080
5	TATGGGCGGT CAAACGATAC GTCAACTAGA AGAATTACTG CGTAATGGTA ATCGTGAAGA	1140
	AATAGAGTAT CAAAAGAAAC ATGGTGGcGA AATTTCTCCA CTATTCAAAG GTAATCATGA	1200
	CAATATGATT TCATCAATTA CTACTTTAGG AACACCACAT AATGGTACAC ACGCATCAGA	1260
10	TTTAGCTGGT AATGAAGCTT TAGTGAGACA AATCGTATTT GATATCGGTA AAATGTTTGG	1320
	TAATAAAAT TCAAGAGTAG ACTTCGGGT GGCTCAATGG GGTCTAAAC AGAAGCCAA	1380
	TGAATCATAT ATTGATTATG TCAAACGCGT TAAACAATCT AATTTATGGA AATCAAAGA	1440
15	TAATGGATTT TACGATCTGA CGCGTGAGGG TGCanCAGAT TTAAATCGTA AAACGTCGTT	1500
	GAACCCTAAC ATTGTGTATA AAACATACAC TGGTGAAGCA ACGCACAAAG CATTAAATAG	1560
	CGATAGACAA AAAGCAGACT TAAATATGTT TTTCCCATTT GTGATTACTG GTAACCTAAT	1620
20	CGGTAAAGCT ACTGAAAAAG AATGGCGAGA AAACGATGGT TTAGTATCCG TTATTTCTTC	1680
	TCAACATCCA TTTAATCAAG CTTATACAAA AGCGACAGAT AAAATTCAAA AAGGCATTTG	1740
	GCAAGTGACG CCTACAAAAC ATGATTGGGA TCATGTTGAC TTTGTAGGAC AAGACAGTTC	1800
25	TGATACAGTG CGCACAAGAG AAGAATTACA AGATTTTGG CATCATTTAG CAGACGATTT	1860
	AGTGAAAAC T GAAAAGCTGA CTGATACTAA GCAAGCATAA TTTATAAAGT AAAGGGAGGA	1920
30	ATTAATAATG ACTGCAGACT TCTTTCAATT AATCGGATCA TTATTTAGAA TTCTAAAAGA	1980
	ATTATTCAAG TAAAACATTG GCGAGGCCCC AACATAAGA ATTTGAAAA GAAATTCTAC	2040
	AAACAATGCA AGTTGGCGGG GCCCCAACAA AGAAGCTGGC GGAAAGTCAG CTTACAATAA	2100
35	TGTGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAA GCTGGCGGAA AGTCAGGTTA CAATAATGTG	2160
	CAAGJTGGGG TGGGACGACG AAATAAATTT TGCGAAAATA TCATTTCTGT CCCACTCCCA	2220
	TTGGCATTTA CGAAGTTTAA ATGTGCAATT AGAATATATG TATAACAATA TTAAACACGC	2280
40	GGTAAACGA AGTCAGTCAA TTCAAAGTGA TTTGCCCCAC CGCGTGTTTT TAACATAGCT	2340
	TAATAATTAA TAAGCATTAA TGTTCAATTT ATATGGTTGT TTTCCAATAA TAAACCTAAA	2400
	GATATAGAAT TCACGCAATA TCATGCCGAC ACCTATACAT AATCCTAAAA TGAATAGTAG	2460
45	TGATATCGCT AGAAAGACCA TTGTATTATC CTCAAATATA TTTGTATATG CAAACAATGA	2520
	GTCTAGAATG ATTGGATGTA ATAAATAAAT AAAGAATGAG AAAGCACTAA TCATTTGAAT	2580
	CGTATTAAAT AACATTGTTT TAAATGCGT GCAAATACCC AAGATAACAA TAAACATAAT	2640
50	ACTATTATAT GGTGTTAATG AATATGAAAA GCTGGTAACG TTCCAATAGT CTCCaTTTGT	2700

55



	ATCTCGTTAT CATCGTAAGC GTCATTATCA ACTTGTGTTT CTTCGATTTT TTGTAATTCG	6240
	GCAACAAACA CTTCTTGATC TCCTCGATCA CGGCTCTTAC GATTAATACG TGTTTTATAT	6300
5	TTTCGAACTT GTCTTTCAAG TTTATTATTA ATTAAATCAA TACCTGCGTA TAAATCATCG	6360
	TTTCGCTCTT CAGCTCTTAA CGTAACATTT TTCAATGGAA TTGTTACTTC AATTTTAGTA	6420
	GCTGAATTTG AATAAGTTTT AACTTTAACA TCGCCACTG CATTGGGTAC GTCATTAAAA	6480
10	TAACGTTCCA ACTTACCAAT TTTTTCCKCA ATATAGTTGC GAATAGCATC TGTGATAGTG	6540
	AGGTTATCTC CATGAATTTT AAATCTAATC ATAGTAAATC TCTCCTTAAA CCTCTTTATn	6600
15	GGnAACTCnT TATTATATTT AACATTTTTTA CGCCAATCGT GCAAA	6645

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 260:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7430 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 260:

	CAGTTCCAGC ACAtCTATTG GGGATCAACA AACTAGGGAA AATGCTAATT ATCAACGTGA	60
	AAACGGTGTT GACGAACAGC AACATACTGA AAATTTAACT AAGAACTTGC ATAATGATAA	120
30	AACAATATCA GAAGAAAATC ATCGTAAAC AGATGATTG AATAAAGATC AACTAAAGGA	180
	TGATAAAAAA TCATCGCTTA ATAATAAAAA TATTCAACGT GATACAACAA AAAATAACAA	240
	TGCTAATCCT AGCGATGTAA ATCAAGGGTT AGAACAGGCT ATTAATGATG GTAAACAAAG	300
35	TAAAGTGGCG TCACAGCAAC AGTCAAAAGA GGCAGATAAT AGTCAAGATT CAAACGCTAA	360
	TAACATCTA CCTTCACAA GTCGAATAAA GGAAGCACCA TCATTAAATA AGTTAGATCA	420
	AACAAGTCAA CGAGAAATTG TTAATGAGAC AGAAATAGAG AAAGTACAAC CACAACAAAA	480
40	TAATCAAGCG AATGATAAAA TTAATACTA CAATTTTAAC AATGAACAAG AAGTGAAaCC	540
	TCAAAAAGAC GAAAAACAC TATCAGTTTC AGATTTAAAA AACAATCAAA AATCACCAGT	600
45	AGAACCAACA AAGGACAATG ACAAGAAAAA TGGATTAAAT TTATTAAAAA GTAGTGCAGT	660
	AGCAACGTTA CCAAACAAAG GGACAAAGGA ACTTACTGCA AAAGCGAAAG ATGATCAAAC	720
	GAATAAAGTT GCCAAACAAG GGCAGTATAA AAATCAGGAT CCTATCGTTT TAGTGCATGG	780
50	TTTCAATGGG TTTACAGATG ATATTAATCC TTCAGTGTTA GCTCATTATT GGGGCGGTAA	840
	TAAAATGAAC ATTCGCCAAG ATTTAGAAGA AAATGGTTAC AAAGCTTATG AAGCAAGTAT	900

	TTTATTTGTC	GGAATTTGAG	TTACTGTCAT	GTTATAAATA	TTTCTAAATT	CTTCTTCTTC	4440
	AGTTTTAGCT	GTACCTGTCA	TACCCGCAAG	TTTATTGTAC	ATTCTGAAAT	AGTTTTGGAA	4500
5	TGTAATAGAC	GCCATAGTTT	TAGATTCAAT	TTGAATTTGA	ACGCCTTCCT	TCGCTTCAAT	4560
	AGCTTGGTGT	AAACCTTCCG	AGAAACGACG	GCCTGGCATT	GTACGTCCTG	TAAATTGATC	4620
	GACAATTAAT	ACTTCGCCAT	CAACAACCAT	ATAGTCTACG	TCACGTTGTA	ATGTAACGTG	4680
10	CGCACGTAAA	GCTGTGTTGA	TATGACTAAT	AACATCAACA	TTTTGTACAT	CATATAAGTT	4740
	TTCAACTTTG	AACATACGTT	CAGCTTTATC	CGCACCTTGT	TCTGTTAAAT	GTACAGCTTT	4800
	CGTTTTTTTCA	TCGTATTTAT	AATCTTCGTC	CTGTTTTAAC	ATTTTCGCAA	AAACATTTGC	4860
15	TTGTGTATAA	AGTGACGTTG	ACTTTTCAGC	TTCACCAGAA	ATAATTAATG	GCGTACGTGC	4920
	CTCGTCGATT	AAAATTGAGT	CAACCTCATC	AATGATTGCA	AAATGTAATG	GACGCATTAC	4980
	TCTATCTTCA	GAATAATTCA	CCATGTTATC	TCGTAAGTAA	TCAAAACCTA	GCTCATTATT	5040
20	AGTACTGTAA	GTAATGTCTT	GTGCGTATGC	TTCACGTTTT	TCTTCTGTCTG	TCTTACTGTT	5100
	TAAGTTTAAT	CCGACAGTCA	AACCTAAGAA	GTTATATAAC	TCAGCCATTT	CTTCACTTTG	5160
25	AACACTTGAT	AAGTATTCAT	TGACTGTAAT	AACGTGAACA	CCTCTACCAG	CTAATGCATT	5220
	TAAGTATGTT	GGCATTGTCTG	CTGTTAATGT	TTTACCTTCA	CCTGTTCTCA	TCTCAGCGAT	5280
	ATCACCTTTA	TGAATTGCAA	TACCACCCAT	AATTTGAACT	TTATATGGTG	TCATATTGAA	5340
30	TACACGTTTA	GAGCCTTCTC	TAACAAGTGC	ATATGCTTCT	GGTAAAATTT	TATCTAAATA	5400
	ATCATTTTGC	TTTTTGACAT	TATCAATGTC	AGCTAATTCT	GTTTGGAATT	GTTTCGTTTT	5460
	ATTACGAATT	TCTTCATCAG	TTAAAATTGC	CGTTTTTTCT	TCTAAAGCGA	TTACTTTATC	5520
35	AGCAAGTTTA	CCTAACTGTT	TAATTTCTTT	ATTATTGCCA	TCAAGAATTT	TTGATAAAAA	5580
	TCCCATTTTCG	TTCGCTCCTT	TAGCTAAAAA	ACTGTTTGGC	CTACAACAAT	ATATCTTATC	5640
	ATTTATAGTT	AGAAAATTAT	ACTTATTTAC	TCATTTGTAG	AATCAATATA	AATATATTTA	5700
40	TGACATACTT	CATTCACATT	CTGTTGTCAA	CAAGTTTATC	ACTAATAAAT	ATATTCTCAA	5760
	TACGCAATTA	TACTTCCTAA	TAAATTATAT	TATAAATATT	TTACGATTTT	CGACTCGGAC	5820
	TATACAATAG	ACTGACATAC	TATTATTAAC	TTAACATTCA	AATATATACA	TCCATTAACA	5880
45	TTAGCATAGT	CACTATGTTT	CATTCAACAA	ATTACATTAT	CGAACTATGA	AATAGTCATA	5940
	ATTTGCTTTT	GGAGTATAAA	AAAGCACTTG	TGCAAAAACA	CAAGTGCTTT	AACTTAATT	6000
	TATTGTTTAC	TAGTTTGAAT	CAAGCCATAT	TTACCGTCTT	TACGGCGGTA	AACGATACTT	6060
50	GTTCCATCAG	TTTCTCTGTC	TGTGAATACA	AAGAAGTCAT	GACCTAATAG	ATTCATTTGT	6120

55

	TTGCGCTTTC GTTTGGTTAT CCCAAAAATT AGGTTCTGCC ATCATTCTCT CATATTCTTG	2640
	AATATTAGTT TCTTTGTTCT CTAAGTCAAA GAGACCCCT AATTGTGTT AAATCTTGAT	2700
5	TATACTTATC TATATTTCTG TTGATTTCTG ATAATTCCAT AGcATTCTGCT CCTATTTATA	2760
	TTTCAATTCA AGTCATTGAT TTGCATCTTT TATAATGCTA AATTTTAACA TAATTTTGTT	2820
10	AAATAACAAT GTTAAGAAAT ATAAGCACAC TGACAATTAG TTTATGCATT TATTGTTAAA	2880
	AATCAGTACA TTTATCATCG ACATATGCCT AAACCGATTT TTTAAACTA AGTACATAAC	2940
	AACGTTTAAC AACTTCTTCA CATTTTTTAA AGTATTTAAC GCTTGTAATA TAAAAAGACT	3000
15	CCTCCCATAA CACAACTAT AGGTGTTTAA TTGGAAGGAG TTATTTTATA TCATTTATTT	3060
	TCCATGGCAA TTTTGAATT TTTTACCACT ACCACATGGA CAATCATCGT TACGACCAAC	3120
	TTGATCGCCT TTAACGATTG GTTTCGGTTT CACTTTTTCT TTACCATCTT CAGCTGAAAC	3180
20	GTGcTTCGCT TCACCAAAC CTGTTGTTTT TTCACGTTCA ATATTATCTT CAACTTGATC	3240
	TACAGATTTT AAAATGAATT TACAAGTATC TTCTTCAATA TTTTGCATCA TGATATCAAA	3300
	TAATTCATGA CCTTCATTTT GATAGTCACG TAATGGATTT TGTGTGTCAT AAGAACGTAA	3360
25	GTGAATACCT TGACGTAATT GATCCATTGT GTCGATATGA TCAGTCCAAT GGCTATCAAT	3420
	AGAACGAaGT AAAATCATAC GCTCAAAC TC ATTCAATTTGT TCTTCTAAGA TATCTTTTTG	3480
	ACTTTGATAT GCTGCTTCAA TCTTAGCCCA AACGACTTCG AAAATATCTT CAGCATCTTT	3540
30	ACCTTTGATA TCATCCTCTG TAATGTCACC TTCTTGTAAG AAGATGTCAT TAATGTAGTC	3600
	GATGAATGGT TGATATTCAG GCTCGTCATC TGCTGTATTA ATATAGTAAT TGATACTACG	3660
	TTGTAACGTT GAACGTAGCA TTGCATCTAC AACTTGAGAG CTGTCTTCTT CATCAATAAT	3720
35	ACTATTTCTT TCGTTATAGA TAATTTACG TTGTTTACGT AATACTTCAT CGTATTCTAA	3780
	GATAcGTTTIA CGCGCGTCGA AGTTATTACC TTCTACACGT TTTTGTGCTG ATTCTACAGC	3840
40	TCTTGATACC ATTTTGTATT CAATTGGTGT AGAGTCATCT AAACCTAGTC GGCTCATCAT	3900
	TTTCTGTAAA CGTTCAGAAC CAAAACGAAT CATTAAATTCA TCTTGTAATG ATAAATAGAA	3960
	GCGACTATCC CTTTTATCAC CTTGACGTCC AGAACGACCA CGTAACCTGGT CATCAATACG	4020
45	ACGAGATTCA TGTCGCTCTG TACCTATTAC TGCTAAACCG CCTAATTCCT CTACGCCTTC	4080
	ACCTAATTTG ATATCTGTAC CACGACCAGC CATGTTAGTG GCAATAGTAA CGGCACCTTT	4140
	TTGTCCAGCG CCTGCAACAA TTTAGCTTC ACGTTCATGA TTTTTCGCAT TTAACACATC	4200
50	ATGACGGATA CCACGTTTTT TAAGTAAATT TGAAATATAT TCAGAAGTCT CAACTGCAAC	4260
	AGTACCTAAT AGCACTGGTT GCCCTGCCTT GTGTTTTTCA ACAACATCTT CTACTACTGC	4320

55

TACATTAACT GTCTTAGTTA CTGCTTGCTT AGGTGCTTGC TTAAC TACTA CTTTTTTAGA 840  
 TGCTTGTTGT ACAGGTTGTT TTA CTACCTT TTTAGCTTGG CTTGCTTTTC TTACTGGTGA 900  
 5 TTTAACCGCT TTAGTTTGT TCACTTTATT TTGAGGCACA AGTGAAATCA CGTCACCAGG 960  
 AAAAAATTAAA GGTGTTACAC CAGGATTGTA TGAATATAAT TGATTCAACG TTAAGTGATG 1020  
 CTCTAAAGCA ATCTTATATA ATGAATCGCC AGCAACTACT GTATAAGTTG TCGGTGATTG 1080  
 10 CGTTTGTGCT TGAACATTTG ATACATAATT ATGTTGAACA GGTGTTTTTA CTTGTGTGCC 1140  
 ATGTTGTTGT GCATGTGCTG CATTATTTAA AGCTAAAAA GCTAACACTG ACGAAACCGT 1200  
 CACTGTAAGA GATTTTTTCA TCTTGCTGTC ATTCCTTTGC TGTTAGTATT TTAAGTATGC 1260  
 15 AAATACTATA GCACAATACA TTTTGTCAA AGCTATTGTT ATAACGATGT AATCAAATGG 1320  
 TTAACAATAT AAAAAGAATA CAACCTTTTA TCATAGTGTA AAATGTATTC ATACCATGTA 1380  
 ATTGAGAACG TTTTCAATAA TTAATTCAAT ACCTTGAAAA TCGCCATAGG TAATATTACT 1440  
 20 AAATGCACAC TGCATATGTT GTTTTAACAA ACACAACCTT TAAAAAATAT ATTCTAACTC 1500  
 TATCTACCGA ATTGTACTTA AATATTCATA AACAAATCAT ATTCCAAAAT CTAATTTACA 1560  
 25 ATTTATTTAG CTACCTTTAA AAAAACCAA AACCAGCGCC CTTTTAGAGC CTCGGTTTTA 1620  
 AAATATATAT TAATCGTGCG ACATTGTCTG TCTTAAATAT GATTTCGATAA ATGGTCCAAT 1680  
 GTCTCCATCC ATCACTGCAT CAACCTTACC TGTTTCTTCG TTCGTACGAT GATCTTTCAC 1740  
 30 CATTGAGTAT GGATGGAAAA CATATGATCT AATTTGGCTT CCCCAGCCGA TTTCTTTTTG 1800  
 TTCGCCACGA ATTTACGCCA TTTCACGTGC CTGCTCTTCC AATTTTAATT GATATAATTT 1860  
 AGACTTTAAC ATTTTCATAG CTGCTTCACG GTTTTTAATT TGAGAACGTT CATTTTGGTT 1920  
 35 ATTAACAACT ATACCTGAGG GGTGGTGGGT AATTCGTATT GCCGATTCAG TTTTGTTAAT 1980  
 ATGCTGACCA CCTGCACCAG AAGCTCTGAA TGTATCAACT GTAATATCAT CCGGATTGAT 2040  
 TTCAATCTCT ATTTTCATCAT TATTAAAATC TGGAATAACG TCGCATGATG CAAATGATGT 2100  
 40 ATGACGACGT CCTGATGAAT CAAATGGAGA AATTCGTACT AGTCGGTGTA CACCTTTTTC 2160  
 AGCTTTTAAA TAACCATAAG CATTATGCCC TTTGATGAGC AATGTTACAC TTTTAATCCC 2220  
 CGCTTCATCC CCAGGTAGAT AATCAACAGT TTCAACTTTA AAGCCTTTCT TCTACAATA 2280  
 45 ACGTTGATAC ATTCTAAATA GCATATTAGC CCAATCTTGA GACTCCGTGC CACCTGCACC 2340  
 AGGATGTAAC TCTAGAATTG CGTTATTGGC ATCGTGAGGC CCATCTAATA ATAATTGCAA 2400  
 50 TTCGTATTCA TCCACTTTAG CCTTAAATT AATGACCTCT TGCTCTAAGT CTTCTTTTCT 2460  
 TTCTTCATCA AATTCTTCTT GTAATAAATC CCAAGTAGCA TCCATGTCAT CTACTTCTGC 2520

CGCCTTTTT CTCAGTTTT TCATCTAATT TATTAGGTGT TAAGCCTGCT TTTTCTTCGT 1080  
 ATTTTGTGA TTTTTCATA TCTTTAATAC GTTGATTTTC ATTCTTTTCG CGGGCTTTTT 1140  
 5 GCTCTTCTTT ATGACGCTTT TCGATATTTT TTTGAAGTAT TTTATTCATT TTATCAGCGT 1200  
 CTTTACGATT TTGTTTAGCT AATTTTTTCG CTTTTTCTC AATATAGGCA GGATCATGTT 1260  
 CTCTAGCAAA CTTTTTAAGT TCACGTTTAT TTTCAAAATC TTGTTTTTTA TCGCCGACAT 1320  
 10 ATTCTTTAAC ATCACTCGCT GTGTTACTGA TTGCTGCAGA TGTTTTTGAA GCAACTTTAC 1380  
 TTGTAGCATC TGTAACTTTT TGTACGTCG GATGTTGTTT GATACGTTTA CGTTCAACAA 1440  
 TTAACGGTAC CAATACAATT GGTAATACAT TAATCATAAA TTTGATGACT TTTTCTTAT 1500  
 15 CCATAGATCT TGcCTCCaTA ATTACTTTAT TAAtTTTACa TACCcTATGa TACATCAATA 1560  
 TAAACGATGA TAGTAGTGAA TCACTATTAA GTATTTTCA GTTTTtTTAA AAgaAGaCCC 1620  
 20 AATTAnAAAA A 1631

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 259:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6645 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 259:

CGAAATCATG ATTTAATGCT TTTTCATATA AGCTTTTCCA ATTAATCTTT CGTCCATGAT 60  
 ATTCTTCAAC TGTTGCTAGA TATTGTGCAA TTTTAGTTAC TTTAAAGGAG TGTGCTGCAA 120  
 35 CaTTGTGkTC mAAATATTTA AATTTTCCaG GtAATCTTAT AAGTCTTTCC aTATCTGATA 180  
 ATCTtTAAA ATATTGATGT ACACCCATTT CAATTACCTC CTCCATTAAT TAATCATAAA 240  
 TTATACTTTC TTTTACATA TCAATCAATT AAATATCATT TaAATATCTT CTTTaTATAA 300  
 40 CTCTGATTAA ATGATACCAA AAAATCctCT CAACCTGTTA CTTAAACAGG CTAAGAGGAT 360  
 AGTCTTGTCT TGATATATTA CTTAGTGGAT GTAATTATAT TTTCTGGAT TTAAAATTGT 420  
 TCTTGAAGAT TTAACATTAA ATCCAGCATA GTTCATTTC GAAACAGTAA TTGTTCCATT 480  
 45 AGGGTTTACA GATTCAACAA CACCAACATG TCCATATGGA CCAGCAGCTG TTTGGAAAAT 540  
 AGCGCCAACT TCTGGTGTTT TATCTACTTT AAATCCTGCA ACTTTTGCTG CGTAATTCCA 600  
 50 GTTATTTGCA TTGCCCCATA AACTTCCTAT ACTTCTACCT AATTGTGCAC GACGATCGAA 660  
 AGCATAATAT GTGCAGTTTC CATAAGCATA TAAGTTTCCT CTGTTAGCAA CTGATTTATT 720

TTTAAATCAG TAATTACTTG ATGTACTAAt tCGcACCATG TGACTCATAA GTTTTAATGT 3240  
 TGTCTGAGTA TGCTTTTAAA TCTAAATGTG TATTGAAATC CATTTTACCG AATTCAATAG 3300  
 5 CAGCACGATC CAGATTGAAA ACCATCTCTT CTAATTGAAC CATAAACTTA TCTTTTTTCT 3360  
 TACTAAACAT TTAATACTCT CCATTTAAGC GATTGTCACC AATCACATTC AGTTATAATT 3420  
 TGTTTCAAAT TAAGACAAGT GAATTTACAA ACTAATGATA CAAATTTGTT ATTATCAATC 3480  
 10 GTCAGTATAA TTTTAGTGTA CTGATATTAA TTTCAAAAAT GCCTCACAGT AAACAATTTA 3540  
 CTGTATTTGC CCTTATA 3557

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 258:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1631 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 258:

AACTATACAT TTCGAAAAAT TCTTCTAGTG AACCTGCGCC ACCAGGAGCC ATGACAAATG 60  
 25 CATCTGCAAG TTCTGCCATT TTATTTTnAC GTTCATGCAT AGAATCAACT AAAATTAATT 120  
 CAGTTAAACG TTGGCTTG TG ATTTCATGTT CATCTAACAT TTTAGGCATG ACGCCAATAG 180  
 30 CTTTGCCGCC ATGATCTAAT ACACCATCTT GaATGGCACC CATAATGCCA ATTGACCCTG 240  
 CACCAAATAC TAATTCATAA CCTTGTTTCAG CAAAATATTT ACCTAAATCG TATGCTTTTT 300  
 GTACATATGA AGGGTCATGA CCTTTGCTTG CACCACAATA AACTGCGATT CGTTTCATGT 360  
 35 TAATCCAGCT CCTTAATTCG ATGAATGACT TTTAATAGTG ATTGTTCAA CACTTTTTGA 420  
 TCTTGCTTTG TAAAAGGTGG GGGACCTTG TGGCGACCAC CTTGTTTTCT AATTGTGCA 480  
 TTCATATATC GTTTATCTAA TAGTTGTTGA ATATTTTGG AATTGTATAT CTTCCCATTA 540  
 40 TGATGCATGA CAATTAAGAC TTTGTGCGACT AATAAACTTG CGAGTCCATA ATCTTGAGTG 600  
 ACTACGATAT CATCCTTCGT TGATAATTGA ACAATTTTGT AATCAACTGC ATCTGGTCCA 660  
 TCATCAACAT ATAATGTTGA TACATGTGGA GGATATAATT GGTTGCAAAA ATGGCTGAAG 720  
 45 CTCCGAATAA TTGTCACAAA AATGCCTGTC TCAGTTGTGA AATCTATAAT AGAATCAACA 780  
 ACAGGACAAG CATCTCCATC AATAATAATA TGTGTCACAA TTATGCCTCT GTATTGTTTT 840  
 CTTTATTTTG TTGAGAGGCG CTTTGGCAA CATAATCTTT ATATTTTTTA AATGACTTGA 900  
 50 TGCGTGCTTT ATCAGCTTCT TGTGCGGCTT TTTGTTCTTC TTTGTGTCGT TTTCAATAT 960

	ATTTAATTTG TTATACCAGT ATTTTACGCT TTTTCGTCTA CATATACAAA TTTATATTAA	1440
	ATAAAGCCCA ATACAATTTA GGTTAATTAA ACAAGTTGAT AACTATTTAA TTATTCCTTC	1500
5	ATTGAAGAAT ATAAACTATT AAATCATTAT TTTGCTCTA CATATATTTT AATGACCTAA	1560
	CTGaTTATGT TCCATGGAAT ACATTTATAA TATAGCCTCC TAATTAArAT GCyTTGTCTT	1620
10	GGTCATTCTA CGTAAATTCT ATAAAATATG TTATCTACTT ACATAArArn CTGrACTTCA	1680
	ATACCACCAT ATGTTTGTGA TACTGAAGTT CAGTTTAGTT TTATTTTCAA TTAGAAAAAT	1740
	AAGTTAAGTA TATAGAATAG TAAACCTGCT AACAATGCTG AAATAGGTAA TGTAATCACC	1800
15	CATGTAATGA TCATTGCTTG CGCagTGCTC CATTTTACAC CTTTAGCTCG GTTAGAAGCA	1860
	CCAACACCTA AGATTGATGA TGACACAACG TGAGTTGTG ATAATGGGAA ATGTAGCGAT	1920
	GATGCAACAA AAATTGTTAA TGCAGATGAT AAATCGGCCG CAGCACCATT TGCTGGACGT	1980
20	ATTTTCATAA TATTACCACC TACAGTTTTG ATAATTTTCC AGCCACCAAT TGCAGTACCA	2040
	AGCCCCATTG cTGTCGCACA GGCAAATTTT ACCCATAACT GTGGTTCAAC ACTGCCATCA	2100
	TTCTGTACAT TAGCGACAAT CAATGCCAAC GTAATAATAC CCATTGATTT TTGCGCATCA	2160
25	TTCGTACCGT GAGAGAATGA TTGTAACGCT GCTGTGAAAA TTTGGAAAAA TCTAAAGTTA	2220
	CGATTGCTC TTGTTAAATT TGCATTTTTA AAGATAACTT TAAAAATTGA ATACATCAAG	2280
	AAACCAACAC AAAATGCGAT AATCGGTGAA ACGATTAAATA CAATAATAAT TTTTGTGAAA	2340
30	CCTTGGAAT GTAACACTCC AAATGAGCCT TCAGATGCGA TTGCTGCACC CGCAATTGAA	2400
	CCTATAAGTG CATGTGAAGA CGAACTTGGA ATTCCGTAAA ACCAAGTAGC TAAATTCCAA	2460
35	ATAATAGCCG CAAGTATTGC AGCTAACACA ACAACTAATC CATTTTCCAA TTTAAATGGA	2520
	TCGACAATGT CTTTAGTAAT GGTGCCTGCA ACGCCCGTAA ATGTTAAAGC ACCTATAAAG	2580
	TTCA <del>T</del> CACTG CTGCCATTAA AATTGCCGTT TTAGGgTTAA CGCTCTAGTA GATACAGCAG	2640
40	TAGCTACTGC ATTGGcTGTA TCATGGAaTC CcATTGATAA AGTCAAATAT CAGCGAGAAA	2700
	ATAACTACAG CTATAGTGAC GATGATTATA TATGACATAA ATATATACTC CCCTTAGCTA	2760
	TTTTTCATAA TAATAGTTTC AAAATTATTT GCTACGATTT GACATTTATC AGCGATTTCT	2820
45	TCCATGCTTT CATAAATATC TTTTATTTTA ATTAAAGTGA TTGGATCTGT TTCGCTATTG	2880
	AAAATATGTT TAATTGACTG TCTTAAAATA CCATCACAGT TTGTTTCAAA TTCTTTAATA	2940
	TTAATTGAAT GAATACGCAT ATGTGATAAT TTTTATCGA CTAATAAGCC GACAGCAAGT	3000
50	TTCATTTCTG CAACTGCTTT TTGAATGTTA TCAACAAACT CAGCCATATA TTCATCTGTG	3060
	TATTCGATTG AATACATTC AAACATrGCT GCCGTTTCTT CAATTGCATC TAAAACATCA	3120

55

GrtTTGAATG CGGAACT

1277

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 257:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3557 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 257:

	TACCGTCGTT TTATGyGTCA AATTTTACAG TAAATTTTGC TTCATCAAAA GAAATAACCT	60
15	TTAACAAGTA TAGTAATTTT ACATTTTACA ATGTTACAAA ATATAATTTT TTATAATTAG	120
	TTAAAATCAC TAAAACGCTT TTATACACTA TCAAATCAGC ATTTATAAAA ATATGAACCG	180
20	ATATCCTAAA ATGTTAATAA TATTACAAGA TAATAACAyA CCACACAAAG CTACTTATTT	240
	TTGATAATAT GGAAATCGTA ATATAAAACn AAAACTTAAT TTACTATATA AATTGTCTTA	300
	ATAATTTTTA AAAGTAGTAA AACATAATTT TAAGGAGGAG TCCCTTTGAA AAAATTAGCA	360
25	TTTGCAATAA CAGCAACATC TGGTGCAGCT GCATTTTTAA CGCATCATGA TGCACAAGCT	420
	TCTACACAAC ATACAGTACA ATCTGGTGAA TCATTATGGA GTATTGCTCA AAAATACAAC	480
	ACTTCAGTAG AGAGTATTAA ACAAATAAC CAATTAGATA ACAACTTGGT ATTCCCTGGT	540
30	CAAGTTATCT CAGTAGGTGG AAGTGATGCA CAAAATACGT CAAACACTTC TCCACAAGCT	600
	GGTTCAGCAT CATCTCATAC TGTACAAGCT GGTGAATCAT TAAATATCAT TGCTAGCAGA	660
	TATGGTGTTT CAGTTGATCA ATTAATGGCA GCCAATAACT TACGTGGTTA TTTAATTATG	720
35	CCTAACCAAA CATTACAAAT TCCTAATGGT GGATCAGGTG GTACAACACC AACAGCTACA	780
	ACAGGTAGCA ATGGCAATGC ATCATCTTTT AATCACCAAA ATTTATACAC TGCTGGTCAA	840
	TGTACATGGT ACGTATTTGA CCGTCGTGCT CAAGCTGGTA GTCCAATTAG CACATATTGG	900
40	TCAGACGCTA AGTATTGGGC TGGTAACGCA GCTAATGATG GTTACCAAGT AAACAACACA	960
	CCATCAGTTG GTTCAATTAT GCAAAGCACA CCTGGTCCAT ATGGTCATGT TGCTTATGTT	1020
	GAACGTGTCA ATGGTGATGG TAGTATCTTG ATTTCTGAAA TGAATTACAC ATATGGTCCA	1080
45	TACAATATGA ACTACCGTAC AATTCCAGCT TCAGAAGTTT CTAGCTATGC ATTCATCCAT	1140
	TAATTAAATA AATTGTACTG ATATATACTA GCAATTCACA TCATGTGAGA TTGCTAGTTT	1200
50	TTTATTTTTT AAAAAAATTT TCATTTTGGT ACAAAAAATT ATCTCACCCCT TCCCTATCAT	1260
	ACATATTTAT ATTTTGTATG AATGGTAGTT AGGTAAAAAT TAACAACCTA CCTATTTGAT	1320



TGATAACCAT AACCTTTATT TAAAAAACT TTGCCATTTT TTA CTATATTA AATTGATGCT 960  
 CCAGGAATGT GTCCCTTTTG TAAATCATGC TCGATAATTG TATCTATTTG TTGTTGCGAA 1020  
 5 TCATTGGTTA ACCGTGTCTT CGTATTGCTA TTAAAT 1056

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 256:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1277 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 256:

ATGCCaCACT TATTGGTGGC AGGATCGACG GGTAGTGGTA AATCTGTTTG TATAAATGGT 60  
 ATTATTACAA GTATTTTATT AAATGCTAAG CCGCATGAAG TTAAACTTAT GTTAATCGAT 120  
 CCGAAAATGG TTGAACTAAA TGTTTATAAC GGAATTCCAC ACTTATTAAT TCCGGTTGTT 180  
 ACAATCCTC ATAAAGCTGC TCAAGCTTTA GAAAAAATTG TAGCTGAGAT GGAAAGACGT 240  
 25 TATGATTTAT TCCAACATTC ATCAACTAGA AACATTAAAG GTTATAACGA ATTAATCCGT 300  
 AAGCAAAATC AAGAATTAGA TGAGAAGCAA CCAGAATTAC CTTATATCGT TGTTATTGTA 360  
 GATGAGCTTG CAGATTTAAT GATGGTAGCT GGTAAGAAG TTGAAAATGC GATTCAACGT 420  
 30 ATTACACAAA TGGCACGTGC AGCAGGTATA CATTTAATTG TAGCGACACA AAGACCTTCT 480  
 GTGGATGTAA TTACAGGTAT CATTAATAAT AATATTCCAT CTAGAATAGC TTTTGCTGTG 540  
 AGTTCTCAA CAGATTCAAG AACTATTATT GGTACTGGCG GCGCAGAAAA GTKACTTGGT 600  
 35 AAAGGTGACA TGTTATACGT TGGAAATGGT GACTCATCAC AAACACGTAT TCAAGGGGCG 660  
 TTTTAAAGTG ACCAAGAGGT GCAAGATGTT GTAAATTATG TAGTAGAACA ACAACAGGCA 720  
 AATTATGTAA AAGAAATGGA ACCAGATGCA CCAGTGGATA AATCGGAAAT GAAAAGTGAA 780  
 40 GATGCTTTAT ATGaTGAAGC GTATTTGTTT GTTGTGgAC AACAAAAGGC aAGTACATCA 840  
 TTGTTACAAC GCCAATTTaG AATTGGtTAT AATAGAGCAT CTAGGTTGAT GGATGATTTA 900  
 GAACGCAATC AGGTAATCGG TCCACAAAAA GGAAGCAAGC CTAGACAAGT TTTAATAGAT 960  
 45 CTTAATAATG ACGAGGTGTA AAAAAATGTC AGAAATGAAT GCGGTATATA ACGTTAAACA 1020  
 ATaCATTTtA AATTTgATTA AGCAAAATAA ATTGGAATAT GGTGACCAAC TTCCAAGTAA 1080  
 50 TTTATCAATT GCCAGAGAAT TAAATGTAAA AACCGACGAT GTTTATGAAG CAATTCAGcA 1140  
 TTGATTACTG AACAAGTCAT TAAAGATatT TTGAAGAGGG CACAAGTGTT AAGTCACTGC 1200

	TGAGTTAAAA GAAACATACG ATACATTTAA AAATGGCATG TTAGAGCATA TGCAAAAAGA	2460
	AGACGATGTC GATTTTCCAA AACTCATTAA ATATGAGCAA GGTGAGGTAG TAGACGATAT	2520
5	TAATACTGTG ATAGATGATT TAGTTTCAGA CCACATTGCA ACGGGAGAAT TGTTAGTAA	2580
	AATGAGCGAA TTAACATCTA GTTATGAACC TCCGATAGAA GCGTGTGGTA CTTGGCGACT	2640
	TGTTTATCAG AGATTAAAAG CACTTGAAGT GTTAACACAT GAACACGTAC ATTTAGAGAA	2700
10	TCACGTATTA TTTAAAAAAG TATCATAAAT AACGCGATTA GAAACTGTTG GCAAAAATAA	2760
	GTCCAGCAGT TTTTCGCTAT GTATAAAAGT CATAATAGTG ACATAAACAG CATTATTTGA	2820
	AAAGAAaAAT GGTCAACTTA GCATAAAAAT TGATATGAAn ATTTAATGGT ATAGATAATT	2880
15	A	2881

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 255:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1056 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 255:

	ACCGTCGAAT ATCGCTTGTG ATTTACAATT TGTGTATTAA GATGCTCAAC TAATTGGGT	60
30	ACATATTCCG AATTAGATT TGCAAGTACA ACAATTCCAT AATTTTGT TTGATTTAGT	120
	AAAATAAATG ATGAAAAGTT ATCTAGCGTT CCTGAATGAA AACTAAATG TTCATCATT	180
	TTGGTAAACC AGCCGGAAGC ATATGCATTG GCATTAGGTT CACCAATTGT TGAAGATAAA	240
35	TTTTTATGTG ATTGTTGAAC TAATGATTGT TATTTATCAG GTGGATTAAAG TTGGAATTTT	300
	ATCGAATGTT CCAAATCTTC AGTTGATGTC ATCATATATG CTGATGGTGT ATCCCAAAGG	360
	TTAAATTCAG GTTTAGAGAC GACAGGTGTC GAACCTTGTA ATTCATAGCC AATAGCATCA	420
40	TGTTTTGATT TGTAATTGGT TTGTTTGAAT GATGTATGTG TCATATGCAA AGGCTTGAGC	480
	CATGAATTTG TAATATATTT TGTATAGGAT TGCTTCGTAA CGTTTGGAT AATTAAACCT	540
	AATAAATCAT AGTTCATATT TGAGTATTCA AATTCTTCTC CGGGCTTATG ATGTAATTCA	600
45	TCACCCATAA TTGCATGGGT TACATCATTT AAACGATTAT TTTTGCTTGT CACAGAATCT	660
	tCGCTTGTA TAtCACTAGG TATACCACTT GTTTGAGCCA AAAGTTGCTT AATCGTAATA	720
50	GTTTCATTTT GACCATTATA GTTCATTTTA AAATGAGGCA CATGTTTGA TACGGCATCA	780
	TTTAAGTTTA ATCGACCTTC TTGAGCTAAT TTTAAAATTG CAAGACCTGT GAAAGCTTTC	840

	CACCTGAAGT TACTTTGTGA AATTCAAGAA TTATCTATAC TTTAAGCCCG ACTAAAATCT	660
	ATAGAACAGC ATTACTAAAA GATAATGACA TTTATTTTCC AGAAGAATTA AAGAGTGCAG	720
5	AAGATCAATT ATTTACAATG AAAGCATATT TAAATGCAAA TCGAATCAGT GTGTAAAGTG	780
	ATAAAGCGTA TTATTATGCT ACAAAGCGTG AAGGTGAACA TATGAGTAGT GCGTATGTTT	840
	CACCTGAAGA CTTTTATGAA GTCATGAGAT TGATTGCTGT AGAAATATTA AATGCAGATT	900
10	TAGAAGAAGC CCATAAAAAT CAAATCTTAG CAGAATTTT AAATCGTCAT TTTAGTTTTT	960
	CTCGTACGAA TGGCTTCTCA CTTAAAGTTA AACTAGAAGA TCAACCACAA TGGATTAATG	1020
	CTCTAGGAGA CTTTATACAA GCAGTTCCAG AACGTGTAGA TGCATTGGTG ATGAGTAAAT	1080
15	TACGACCATT GTTGCACTAC GCGAGAGCGA AAGATATAGA CAACTATAGA ACTGTGGAAG	1140
	AAAGTTACCG TCAAGGTCAA TACTACCGTT TTGATATTGT AGATGGTAAA TTAAACATTC	1200
20	AATTCAATGA AGGCGAACCA TACTTTAAAG GCATTGATAT CGCTAAGCCA AAAGTGAAAA	1260
	TGACAGCATT TAAATTTGAT AATCATAAAA TTGTTACAGA GCTAACGTTA AATGAATTTA	1320
	TGATTGGCGA AGGACATTAT GATGTCAGAC TTAAATTACA TTCACGAAAC AAGAAGCACA	1380
25	CAATGTATGT ACCTTTAAGT GTCAATGCGA ATAAACAATA TCGTTTTAAC ATTATGTTAG	1440
	AAGATATTAA AGCGTATTTA CCTAAAGAAA AAATTTGGGA TGTTTTCTTA GAAGTCCAAA	1500
	TAGGTACGGA AGTATTTGAA GTGCGTGTG GTAATCAACG TAATAAATAT GCATATACTG	1560
30	CAGAAACAAG TGCATTAATT CATTGAATA ATGATTTTGA TAGATTAACA CCGTATTTCA	1620
	CAAAAGACTT TAATAACATT TCGTTATACT TTACAGCTAT TACATTAACG GATTCAATCT	1680
	CATTGAAGTT AAAAGGTAAA AACAAAATCA TTTTAACTGG TCTGGATCGT GGTATGTAT	1740
35	TTGAAGAAGG TATGGCTAGT GTCGTACTAA AAGACGACAT GGTGATGGGA ATGTTAAGCC	1800
	AAACATCAGA AAACGAAGTG CAAAATCTTA CTTAGCAAAG ATATTAAAAA GCGAGACTTC	1860
	AAAAATATTG TTAAGTTAAA CACTGCACAT ATCACTTATC CACTAAATAA ATAATAAATG	1920
40	CCCTCAAATC ATGTGAGCC AACATGATT GAGGGCTTTA TTTTGCTGTT TATGACATGA	1980
	TTATGACATT TCCCTGATTT TCATTTTCAT ATACATTAAA TTGTATACAC TGGAAATGAG	2040
45	GAGGTTATCT ATAATGATAA ATAAAAATGA CATAGTAGCA GATGTAGTAA CTGATTATCC	2100
	GAAAGCAGCG GATATTTTTA GAAGTGTTGG AATAGATTTT TGTTGTGGCG GACAAGTAAG	2160
	TATAGAAGCA GCAGCCTTAG AAAAGAAAAA TGTAGATTTG AACGAATTAT TACAGCGTCT	2220
50	CAACGACGTT GAACAAACGA ATACACCAGG TTCGTTAAAT CCTAAATTTT TAAATGTTTC	2280
	ATCACTTATT CAATATATTC AATCAGCATA TCATGAACCT CTAAGAGAAG AATTTAAAAA	2340

AAAAAAATCT TCGAACATTC AGGACATGCA CCGCATATTG AAGAACCAGA AGCATTATTG 360  
 AATTATTATT TAAAATTTTT AAAAAGCGTA TCATAATATG TGATATATAA ACCTAGGGCA 420  
 5 TAAAGTCCTT AGGCAATGTG AAAAAGCTGA TTACTATTCA TTATTTGATA GAAATCAGCT 480  
 TTTTTTGAAA TGTATTTGAT ATATACTGCT CGTTATGCGG CTATCTTCCT TATATTAAGT 540  
 GCCATTAGTG CAAAACCTCT TAACAATTAG GTAAAAAGAG CATAAAAAAA GGAAGTTTAA 600  
 10 TAGAATGTAT CATCTATCAA ACTTCACCAA ATTGCGCTAA ACAAATTAT AGTTCAATTT 660  
 CGTTGTTTGC TTCAGTGATT CGTTTATTTA CTCGACTCAA TAATGATTCTG ATTTTTTTAC 720  
 GTTGTTGTGC ATTAACAAGA ATTAATACAG TTCTTTCATC ATGCTCATTG CGTTTTTTAT 780  
 15 CGAAGTAATC TTCTTGAGAT AAAATTTTAA CTGCTTTAAC AACTTGTTGGT TGTGTGTAGT 840  
 TTAAATGATT AATAATATCT TTAAGATAGT ATTCTTTCTC TTTGTTTTCTG CTGATGTATG 900  
 20 TCAATACAGC GAATTCTTCA AAGCTAATTG AATAATCCTT TTTAATTAAA CTTTTTAATT 960  
 TGTCAGCATA AGTGACCATT GATAACAAC CAAAGCAATC ATTGATTTTTT GTAATTGCCA 1020  
 TGTTTAAAC CTCCCTATTT GATGCATCTT GCTCGATACA TTTGCCCCGA TAATATATG 1080  
 25 TATCTAATCT TTATGnAT 1098

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 254:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2881 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 254:

CCAGGTAAAA TTGTGCAATC ATTTGACGCA TTAATGGACG CCTTGGACAA TGAAGATTAT 60  
 GAAGGAGAAA AAGTCATTCC ATTCTTAGAT AAACATTTTA AATATCAAGA TGGCCGATCA 120  
 40 AGTGAGCGTT TAGTCAGAAA TTTATTTGGT AGCTAAGTTT ATATAGTAGT CAAAGTGGGA 180  
 GAGGTATAAT GATGAAATTT TCAGTAATAG TTCCAACATr CAATTCAGAA AAGTATATAA 240  
 45 CAGAATTACT TAATAGCCTT GCGAAACAAG ATTTCCGAA AACTGAATTT GAAGTGGTTG 300  
 TAGTTGATGA CTGTTCAACA GATCAAACGT TACAAATAGT TGAAAAGTAT CGCAATAAAT 360  
 TGAACCTGAA AGTAAGTCAA CTCGAAACAA ATTCTGGTGG TCCAGGTAAA CCTAGAAATG 420  
 50 KGGCGTTAAA ACAAGCAGAA GGTGAATTTG TATTATTTGT GGAATCCGAT GACTATATAA 480  
 ACAAAGAGAC TTAAAGGAT GCAGCAGCAT TTATTGATGA ACATCACTCA GATGTCTTAT 540

TTGTCATGAA ATAAATGGGA TGAATATCAC GACTAGAAGT AATGTTACGA ACAGGAGCGT 120  
 ATAAACTAGA GACGCTAAAT TCGACATAGT ATGThGCTCA ATTATGGCTG ATGATGAATT 180  
 5 TAAAGTATGT GCGTTGGAAC TGTCGGATTT TTGTTTATAA TGTTTTGCAT ATTGCGCCAT 240  
 GATGAATAGT GTAAAAATAA ATAAAAACAAT AAGAGATATA ATGCCCATAA TCAAAAGTAT 300  
 10 TTGTTTAGAG CCTTTCATTA TTTCACATCC TTTCTAAAAT ATATTTGTAA CTAAATTATA 360  
 AATAGTTATT TTTGTAATTC TAAACCTTTT TCATCGCGAA AACAATTAAA TAGGTCGCGG 420  
 TATTAATTAT TATATTATTA CCGCTTAATA TGAAAAATAC ATGAAaATTA ATTTTCTAAT 480  
 15 ATACTTTTGA AAAATTATTA CAAATTAGCC CCTTCAAAAC GCGAAAACAT AAGGATTCTA 540  
 GTTTCAAAAG GGCTGATAAG CATAAAATGA AATGTAATAT TTCGATGTAT AAAATTTTAA 600  
 ATTAGCTAAA AATCATCGCA TTAATTTTTT GAGCTACATC ATCAAAATTC GGACATTTTA 660  
 20 ACGACACATA TAATTTAATT TTAGGTTTCA TACCAGAAGG ACGTAAAGCG ATAAATCCTT 720  
 CGTCAAATAA GACACGAATA ACATTTGATT TAGGAGAATT AATCTGCGAC GTTGTATCTT 780  
 TATCCAAATG ATAAACCTCG CTAGTTAAAT AATCTTCAAT TGCTTTCCTT TTGAGTCCTT 840  
 25 GAATCTCTTG CCGTGGATTT GAACGGAATT TGGTCATTAT TGCATTAATT TTCTTTTTCC 900  
 CTTCAAATCC TTCTAGCGTA TGCGgAATAA TGTATCCTCA TGTCTACCAA CAGTTTGATA 960  
 AATCTGTTCT AATTCATCTT TCAATGTTTT GCCATATAAT TTAACTCAG AAGCGTATTT 1020  
 30 TATAATGAGT GGCACAATTT GTACGGCATC TTTATCACGT ACAAAGGCT CTGATAGAAA 1080  
 ACCGTAATC TCTTCAAATG CGAAATCAT ATTTGATGAT CATCCAGTTG TCTTATTTCC 1140  
 TGAGCAATAA ATTTAAGCCC GTCAGCACCT CTTTGGTATT CAACATTATT ATA 1193  
 35

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 253:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1098 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 253:

TATCAGGATG ATTATGnCGG GGTTTTATTA AGTCTGAGCG TATATnCCTT TTATTCTCCT 60  
 AAATGGTTTG GAATTCAAGG AGAAGACGAT GAAATGGTAT CAAAAACCA AnGAATATAT 120  
 50 nGCATTAAGT CTGAGGATGA TAGTGCGGTG GCAATTCGTT CATTAATTTT GCATAAAGAT 180  
 GAACCTATGT ATTTAAAAAA ACGTACATGT GTACCTACTT TGTTAATTAA TGGGGAACAT 240

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 251:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 964 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 251:

CCAGGGTGGC GAAAGCTTTA AAATTTGGAC TAATAAAGAT GCTGATATTA ATTCTATGAA 60  
AACAGCAGTT TTACAACAAT TAAAGGAGA ATAACATATG CTTACTGGCA AACAAAAAAG 120  
ATACTTAAGA AGTTTAGCAC ACAATATTGA TCCGATTTTT CAAATTGGAA AAGGCGGTAT 180  
CAACGAAAAT ATGATTAAAC AAATAGATGA TACGTTAGAA AACAGAGAAT TGATTAAAGT 240  
ACATGTACTA CAAAATAACT TTGATGATAA AAAAGAATTA GCTGAAACAT TAAGCGAAGC 300  
TACTCATAGT GAATTAGTGC AAGTGATTGG ATCTATGATA GTGATTTATA GAGAATCTAA 360  
AGATAATAAA GAAATTGAAT TGCCATAATA ATGAAAAAGA TAACTTTA CGGCGGTCAG 420  
TTTAACCCTA TCCATACTGC ACATATGATA GTAGCTAGCG AAGTATTTCA TGAATTACAG 480  
CCAGATGAAT TTTATTTTTT ACCTAGTTTT ATGTCTCCAT TGAAAAAGCA CCATGATTTT 540  
ATAGACGTTT AGCACAGATT AACAATGATA CAGATGATTA TCGACGAGCT TGGTTTTGGA 600  
GATATTTGTG ACGATGAAAT TAAACGTGGT GGTCAAAGTT ATACCTATGA CACGATCAAG 660  
GCATTCAAGG AGCAACACAA AGACAGTGAG TTGTACTTTG TTATTGGGAC GGATCAGTAT 720  
AACCAACTAG AGAAATGGTA TCAAATTGAA TACTTAAAAG AAATGGTTAC TTTTGTAGTT 780  
GTAAATCGAG ACAAAAATAG TCAAATGTT GAAAATGCTA TGATTGCAAT TCAGATACCT 840  
AGGGTAGATA TAAGTTTCGAC AATGATTCGA CAAAGAGTTA GTGAAGGGAA ATCTATCCAA 900  
GTTCTTGTTT CTAAATCCGT TGAAAATAT ATTAAGGGGG AAGGATTATA TGAACATTGA 960  
AAAA

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 252:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1193 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 252:

TGCTGTATCA AAAC TATTAA ACAAGAATGT GTTTAGTAAA CTACCCGTAG AGCTAGTTAA 4860  
 CATATTTAAA ATAAGAACAG TTGGTCCAAC AATTAAAGCA GCTACCATTA AAATAGTACC 4920  
 5 TAAACCAATG TTCAAGTTAC TTAAGTATTG AATACCTTTA CTTAATCCAG ACCATGCACT 4980  
 TGCTATAAAT AAGATAGTAA CAACAATGAT GATAATCGCT TGTACAAACG TATTGTTTGG 5040  
 AACATTGAAC AAGTAATGTA AACCACCATT AATTTGTAGA GCACCCATAC CTAACGAAAC 5100  
 10 GGCTACCCCA ACGATTGTCG CAAATACAGA TAAAACGTCA ATAAAAATCC CAATAGGACC 5160  
 TTCTACTTTA TCACCTAAAA GAGGACGTAA AGTTCTAGAT AATAAACCTG GTTCACCTTT 5220  
 ACGGAATTGC GAATATGCCA ACGTAACGCA ACAACACCAT AAACAGCCCA AGCATGGAAT 5280  
 15 CCCC AATGGA AAAATGTTGA ACGTAGAGCT TCAGTATAAG CTTCAGTAGT TTTGGGATCT 5340  
 GCTGTAGGTG GCGTAGCAAA GTGCGCCATC GGTTCAGCTG CACCATAAAA CACCAAACCT 5400  
 ATCCCCATAC CAGCACTAAA CAACATAGCA AACCATGAAA TTGTATTAAA CTCAGGTTTG 5460  
 20 TCATTTGGTT TACCTAGTTT AAGTTTTCCA ATAGGACTAA AAATAAGGAA TATACAGAAG 5520  
 AACACGATAA TCGTAGTAAG AATAAGATAA TACCAACCTA ACTTTTCTGT AATCCACATT 5580  
 25 TTAATATTAT TGGTAACATA GTTGAATTGT TCAGGTAAAA ATGCACCAAG TAATACGACT 5640  
 ATAGCAACAA CAATTGCACT ATAGATGAAG ACTGGTGAAT ACTTCTTTCC ATTTGGATTG 5700  
 TCTGGTGAAG AAGAATTCAT AATTAATTAC TCCCTTCAAT TCTATATTTA ATTTTATGTA 5760  
 30 GTAGAATAAA AATATTATCT AAACATTTTA TTCAATAACT CACG 5804

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 250:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 250:

ACCCGCGAAT ATGGTCCATC CTATCGATTT ATTTTAACT GGTTTGACAA TATTTAATTT 60  
 45 TTCATAATCA TTCTTAGTGA TTTTGACATA TGTTTTCGGT ATGAGCCAGT TAATAAATGG 120  
 AAAGAAGAAG ACAATCCAAT TACTTGCCAA ATCaATCATT AAATATTAC TATCGTATTT 180  
 GATTATTGTA TATTTAGGGT TTTTATTAAT AACTTTAGAT TCGCAAAGCA ATGTCTCCAC 240  
 50 ATCCCTTTAA TTTTATGTGT AATACATTTT TCGATACTTC AAAAGACATT CAAATACTAT 300  
 CAAGTTACTG TCATCAAAGG TTTTATTAAC TGATATTtTC ATATTTTTAa TCTGAATTTA 360

	GTCTGTAATT	ACAAAATCAT	CTTCTTGACG	AAGTAAAGAT	TCTAACAAAA	CACGAATTGA	3060
	ATAAGGTAAA	TTGGAACTT	TAGTAATACC	TTGCTCTTCT	ACAGCTTTTA	AATCATAGTA	3120
5	AGTATAACTT	TGGCCATTCA	AGTCAAAATG	TTTTTTTGAT	TGCTCTTTAA	AATTTGCAGC	3180
	CATTTAATGA	TCCCCCTTGA	TACATTTTTA	TATTTATATG	CCTTGATTAA	ATTGTATTAT	3240
	TATATTTATT	GATAACAAC	TCATCATGCT	TAGAAAACGC	TTAATTTAGG	TTTTGACTTT	3300
10	TTAATCAGAG	TATATAAGCA	AAACTTATCA	TACAGGTAAG	GTGTAATAAG	TATTTTTTAT	3360
	TAATTGAGAA	TAATTATCAA	TTTCGCGAAT	GATTCAATTC	AATTTTTTAA	CGTATTATTT	3420
15	CATTGAGCAG	AAAGAAAATT	ATGGCACCAA	ACTTTAATAT	TTTTTTCAAT	GTCATTCTTT	3480
	TGATGGGAGT	GGGACAGAAA	TGATATTTTC	GCAAAATTTA	TTTCGTCGTC	CCACCCCAAC	3540
	TTGCATTGTC	TGTAGAAATT	GGGAATCCAA	TTTCTCTTTG	TTGGGGCCCA	TCCCCAACTT	3600
20	GCACATTATT	GTAAGCTGAC	TTTTCGTCAG	CTTCTGTGTT	GGGGCCCTCA	CCCCAACTCG	3660
	CATTGCCTGT	AGAATTTCTT	TTTGAAATTC	TCTGTGTTGG	GGCCCCTGAC	TAGAATTGAA	3720
	AAAAGCTTGT	TACAAGCGCA	TTTTCGTTCA	GTCAACTACT	GCCAATATAA	CTTCGTAGAG	3780
25	CATAGAATAT	TGATTTATGT	CCCAGCCTGA	GTTAATTTTC	TATAAAAGTA	TATTTAATTT	3840
	GCGTTTATAC	CGTCAAACCT	CACTTTAGCT	TTGTCAAACC	CCTTTCTATT	AAGTTTTCAG	3900
	AAATAAACCT	ATCTTAAAAT	ATAAAAAAAT	CGAGAATTCG	TAGTTTAATA	ACGAAATTCT	3960
30	CGTTCTTATC	CTTTTGAATA	TACTCAATTT	TCCACAAAAA	CAAACAAGTA	GTATATCTGT	4020
	TCTAGCTACT	AGAATGACAT	ACTACTTGTT	ATTAAAATAC	TTAACTAAAC	TTTATTAGTT	4080
	ATCTTTTTTC	TCTATATTTT	TACGTGACTG	ACGCTTTTCA	AGAATGTCAG	ATTCATAATC	4140
35	TTCTTGTTGA	CTCTTGATAT	ATTCTTGTA	GCGATGTTTA	TTCGGAGTCA	ATGTTAAACC	4200
	TAGGAAATTTA	CGTTCCTGGT	TCGCATCCTT	GTAGAAACTT	ACCATCATGA	GTATGACGAC	4260
	AAAGGAGAAT	GGGAATGCAC	TTATAATTGC	AGCACTTTGA	ATCGCATTTA	AAGCTTCAGC	4320
40	GCCGTTACCG	CCACCAGCTA	ATAAAAGTAC	AAATGCTATT	AAGGCCTGTG	AAATTCCCCA	4380
	AACAACTTTT	ACCATACTAG	ATGGATTTAA	TGAACCAAAT	GTTGTTTGCA	TTCTTAATAC	4440
45	AAATGTTGCT	GAGTCAGCAG	ATGTAATAAA	GAATGATGCA	ATTAATAATA	ATGCAATCAA	4500
	CGATAAAACA	ATGCCAAATG	GCACATGATT	AAACACTCCA	AATAGCTGTG	TTTCAGGAGT	4560
	CATATCAAAA	ATTTCTTTGT	GTTTCTTACC	TGTCTCGATG	CCTAATACAC	CAAAGACACT	4620
50	AAACCAAACA	AAACTAACAA	TTGCTGGAAC	TAGCAAGACA	CCAGAAATGA	ACTCTCTAAT	4680
	TGAACGTCCT	TTTGAAACTC	GTGCAATAAA	CACTCCAACG	AATGGACTCC	AACTTAACCA	4740



	TTCTTTAGAT AATCCTTGGA AGAATGATGG ATTTTGAATG TATGTTGAAT TAGGATCAAA	1260
	GTCATATAGA GGTGATCAG TTACATCAAT CTCATTCCAT AATTCGTTGT TATTGTATAC	1320
5	GTTATTATAT TCTTCAATAA ATAATTCAGG TGTTACAACA CTATCAACGG TATCTGAAAC	1380
	TTCTTTAATT GATGGCCAAA TATCTTTCAA ATATACATCT TCACCGTCAT TACCTTTACC	1440
10	AATAGGTTCA TTTTGTAAT CAATATCAAC CGTTCAGCT AATGCATAAG CAACAATAA	1500
	CTGTGGTGAA GCTAGGTAAT TGGCTTTAAC AAGAGGATGG ATACGACCTT CAAAGTTACG	1560
	GTTACCAGAT AATACAGATG TCACTAATAG GTCCTCATCA GCAATCGCTT TTTCAATTTT	1620
15	TGGTAATAAA GGACCTGAAT TACCGATACA AGTTGTACAT CCATAACCAA CCAAGTTGAA	1680
	GCCTAAATCA TCTAAATAAG GTTGTAAGCC AGCATCTCTT AAATATCCGG TAACAACCTT	1740
	TGATCCTGGT GCTAGAGAAG TTTTAACGTA TTCAGGAACT TTCAAGCCTT TTTCAACTGC	1800
20	TTTTTTAGCA ACTAAACCTG CACCTAACAT TACATAAGGG TTAGATGTAT TTGTACATGA	1860
	TGTAATTGCT GCTATTGCAA TATCACCTGT TTTCAATTGTA GCTTTTGATC CATCTTTAAA	1920
	GTTAATTTCA GCTTTCTTAT CAAATTCAC TTTATCTAAA CCGTGTCTT GGTGCTGCTG	1980
25	TGGAGCTGTT ACAGAATTTT CAAATGATGA TTTCATATCA CTTAAGAAAA TTAAATCTTG	2040
	AGGACGTTTT GGTCCTGAAA GCGATGCTTC AACTGTTGAT AAATCCAATT CGATAACATC	2100
	TGTATAATTA GGATCTTCTT TCTCAACATC AAAGAACATA TGGTTTTGTT TCAAATATTC	2160
30	TTTTACTAGC GCGATATGTT CGTCTGATCT ACCAGTTAAC TTCATATATT TAAGAGATTC	2220
	ATCATCAACT GGAAGAATC CGCAAGTTGC TCCATACTCT GGTGCCATGT TTGCAATTGT	2280
	AGCACGGTCT GCTAGTGGTA AATGTTGTAC ACCTGGACCA AAGAACTCCA CAAATTTACC	2340
35	AACAACACCT TTTTACGTA GCTCTTGAGT TACTCTTAAC GCTAAATCAG TTGCTGTTGC	2400
	GCCTTGTGGT AATGAATTTA CTAGTCGTAC ACCAATAACC TCTGGAATTG GGAAATAAGA	2460
40	AGGTTGTCCA AGCATTCCAG CTTGAGCTTC AATACCACCA ACACCCCATC CTAGTACGCC	2520
	AATACCATTT ATCATTGTTG TATGTGAATC AGTACCAACT AATGTATCTG GAAATGCAGT	2580
	TTTTTCACCA TCTACATCAC GAACATGTAC AACACTTGCT AAATATTCTA AGTTAACTTG	2640
45	GTGAACTATT CCAGTTGCAG GAGGAACTGC ATTGTAATTA TCAAATGCTT TCGTTGCCCA	2700
	ATTTAAAAAC TGATAACGTT CATAGTTACG TTCAAATCTT AATTTTCATAT TACGTTCAAG	2760
	AGCTTCTGGA TTTGCATAGC TATCCACTTG AACTGAGTGG TCAATAACTA AATCCACCGG	2820
50	TACTTCTGGA TTAATTTTAG TAATATCTCC CCCAACGTCA TCCATTGCTT TACGTAAAGA	2880
	AGCTAAATCA ACTACGGCTG GTACACCTGT GAAATCTTGT AAAATAACAC GAGAAGGTTT	2940

55

TTAGATAATG GCCAAAGACA TGAGCATGTA AATTTAAAAG ACGTGCCGAA ATCAATGAAA 720  
 GACGCAGTAC TTGCAACTGA AGACAATCGT TTCTACGAAC ATGGCGCACT TGATTATAAA 780  
 5 CGTTTATTTCG GTGCAATTGG TAAGAACTTG ACTGGTGGAT TTGGkTctGA AGGtGCCTCA 840  
 ACATTAACAC AA 852

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 249:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5804 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 249:

CACTTTTTTC ATTAAAAATC TCATATTTAT AACTGAACG TAATCTCGAA TATTTTTCAA 60  
 CCCAAGTTTT AACTTTAACT TTTTCTGGAT AAAAAATAGA CTTTTTATAA TTGACATTGA 120  
 GGTCAGTCAC AGGTGAAATG ATTCCCTTGT TTTCCATATC AGCATAACTA AAACCTAACT 180  
 25 TCGATATATA ATCCAACCGC GCAACTTCAA ACCAAGTTGC ATAATTCCCG TGATAAATTA 240  
 CACCCATCTT ATCAGTTTCA GCATAACGCG CTTCTATTTT TGTAATACTA TATATCATTT 300  
 TAAGCCTTCT TTCAGTTTAA CTTTATATCT CATTCTAACA TAAATACAA GAAGAGGCCG 360  
 30 GCCAAGAACA CAAAGGkTTT GAACCGACCT ATTATATCAT AAaGTTTATA GAAGTATTTT 420  
 TGAGCACTAT CAAAGTGCCT CAAATACCGA TTAAATTTT ACTGTGATAT CTATTTTTTA 480  
 TTGCGCTAAT TTATTTCTTA AAACCATTG TAAAATTCCA CCGTGACGAT AGTAATCCAT 540  
 35 TTCAACAAGT GAGTCAAAAC GAACCATAGC GTCAAATTCT ACCAAATCAC CATCTTGCTT 600  
 CTTAGCAGTA ACTTTGACGT AGtCATGTGG TTGAACATTT TCATCAATAT TAACAGrAAT 660  
 TTCTTCTGTA CCATCTAGAC CAAGAGAATC AGCTGATTCA CCTTTTTTAA ACTCTAATGG 720  
 40 TAATACACCC ATCATAACTA AATTTGAACG ATGGATACGT TCATAACTTT GTGCAATAAC 780  
 TGTTTTAACA CCTAATAAGT TTGTACCTTT TGCTGCCCAG TCACGAGATG AACCCTAACC 840  
 ATAATCGTTA CCAGCTAATA CAACTAAACC TGTACCATCT TCTTTATATT TCATTGCAGC 900  
 ATCAAAGATA GGCATTACTT CATTTGTTGG CCAATAAGTT GTAAAACCAC CTTCAGTACC 960  
 TGCGCGCTAAT TGGTTTTTAA TACGTATATT AGCAAACGTA CCTCGAACCA TTACTTCGTG 1020  
 50 ATTACCACGT CTTGAACCAT ATGAATTAAA TTCACGAATA GGCACCTGAT GATCTTGTA 1080  
 ATATTTACCA GCTGGCGTAT CTTTACCAAT TGCACCTGCT GGAGAGATGT GGTCAGTTGT 1140

ACTAGGTATA CATGATACTA CTAAATACAT TAAAGAATTA TCCGGCGGAC AACAAAAACG 360  
 TGTGTGACTT GCTAAAACAT TAATAGAACA ACCAGATTTA TTGTTATTAG ATGAACCTAC 420  
 5 GAACCATTTA GACTTCGAAT CAATCAGCTG GTTGATCAAT TATGTGAAGC AATATCCTCA 480  
 TACTGTTTTA TTCGTAACCC ATGATCGATA TTTTTTAAAT GAAGTTTCCA CTAGAATTAT 540  
 TGAACTAAAC AGAGGTAAGT TAGCGTCATA TCCTGGTAAC TATGAATCTT ATATTGAAAT 600  
 10 GCGCGCTGAA AGAGAAGTAA CACTTCAAAA GCAACAACAA AAGCAACGAG CTTTATATAA 660  
 GGAAGAACTT GCTTGGATGA GGGCTGGgAG CTAaGGCTCG TACTACAAAG CAACAAGCTA 720  
 GAATTAATCG ATTTAATGAC CTAGAmAATG AAGTTaACCA GCAATATAAA GACGATAAAG 780  
 15 GTGAATTGAA TCTTGCTTAT TCaAGATTAG GTAAGCAAGT GTTCGAATTA GAAGACTTAT 840  
 CAAAGGCTAT TAATGATAAA GTATTATTTG AACATCTGAC GGAAATTATT CAAAAmGGTG 900  
 20 AGCGTATTGG TGTTGTTGGG CCAAATGGAG CTGGTAAAC AACACTCTTA AATATTTTGA 960  
 GTGGAGAAGA CCAACAATTC GAAGGTAAAT TGAAGACTGG GCAGACGGTT AAAGTAGCTT 1020  
 ATTTTAAGCA AA 1032

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 248:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 852 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 248:

35 TGTGATTAAC GAAGCTTATT TTCGTACACC TTCAACAACT GATTACAACG GCGTTTATCA 60  
 AGGTPATTAT ATTGATTTTG AAGCAAAGGA AACTAAAAAC AAGACGTCCT TTCCTTTAAA 120  
 40 TAATATTCAT GACCATCAAG TCGAACATAT GAAAAATGCA TATCAACAAA AAGGTATTGT 180  
 GTTTTTAATG ATTCGTTTTA AAACGCTAGA TGAAGTTTAT CTTTACCCT ATTCAAAATT 240  
 CGAAGTATTT TGGAAGAGAT ATAAAGATAA TATTA AAAAG TCTATAACAG TTGATGAAAT 300  
 45 ACGAAAAAAT GGTTACCATA TTCCTTATCA GTATCAACCA AGATTAGACT ATCTAAAAGC 360  
 AGTTGATAAG TTGATATTAG ATGAAAGTGA GGACCGCGTA TGACGGAAAA CAAAGGATCT 420  
 TCTCAGCCTA AGAAAAACGG TAATAATGGT GGGAAATCCA ACTCAAAAAA GAATAGAAAT 480  
 50 GTGAAGAGAA CGATTATTAA GATTATTGGC TTCATGATTA TTGCATTTTT CGTTGTTCTT 540  
 TTACTAGGTA TCTTATTGTT TGCTTATTAT GCTTGGAAG CACCTGCTTT TACCGAAGCT 600

CGTTAATTTT TATTAGAATG GTAAGTCATC ATCACTTATA TCAATCGGTC CGTTTGCATT 2340  
 TGCAAATGGA TTATCAGATT GTTTCGTGTT TGATGAATTA TTGTACGAAT TGTTTTGTCC 2400  
 5 TGATTGTTGA CCACCGAATC CTTGACCGTA ATCTTGGAAT TCATTTTGTT GACGTTGGCC 2460  
 ACCATTTTGT TGCGCATTTT TAGGTTCAAG GAATTGAACG CTATCACACA CAACTTCAGT 2520  
 AACAAACACA CGACGACCTT CTTGATTTTC ATAATTACGG GATTGTAAGC GACCATCTAC 2580  
 10 ACCAGCTAAA CTACCTTTAG ATAAATAGTT ATTTACATTA TCTGCTTGTC TTCTAAAAAC 2640  
 AACACAGTTA ATAAAATctG ctTCGCGCTC CCCTTGAGCA TTCGTGAACG TACGATTTAC 2700  
 TGCAAGAGTG AATGtCGCTA CACTCACACC TGAGGGAGTG GTTCTGTATT CCGGATCTTT 2760  
 15 CGTTAAACGA CCTACTAATA CAACTCTATT TAGCATTTAA ACGCCCCCTC TAATTATTAC 2820  
 TTGTCTTCGT CTTACGAAT AACCATGTAA CGAATGATAT CGTCACTGAT TTTAGCTAGA 2880  
 CGTTGGAATT CGTCAGTAGC TTTGTTGTTA TCAGATTTAA CACGTACGAT GTTGTAGAAG 2940  
 20 CCATCTTTGA AATCATTGAT TTCATAAGCT AGGCGACGTT TACCCAGTC TTTTGCTTCT 3000  
 AAACTTCTG CACCTTCAGT AGCTAAGATA CCGTTGAAAC GTTCAACTAA CGCTTTTTTA 3060  
 25 GCATCTTCCT CAATGTTTGG GCGTACGATG TACATAACTT CATATGTTCT CATTTTATAT 3120  
 TTGCACCTCC TTGTGGTCTA TACGGCTTAT CAATCTTAA ACAGATAAGC AAGGaATAAT 3180  
 TTTCACTACT CACAATAAAG AATTaTATCA TGCGCCATTA CTTTTTACAA TaATAATTcA 3240  
 30 AACTACTCTT CATATCATTT TTGATATtAA TTCATTTGaa ACTTTTcNATG ATATTTTnAA 3300  
 AAATACACTT CACAAAAGCG AACATATGTh CTATAAnAGT TGTGAGGTGG TAAGGAATGA 3360  
 ATTTA 3365

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 247:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1032 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 247:

GTTAAAAGTA ATTGGTGGTA TTGATGATGA TTTTACAGCC AATGTTATGC ATCCAAATCA 60  
 ATATCGAATT CGATATTCGT CTCAGAAACA GGACCTTAAT GAAGATATGA CAGTTTTTGA 120  
 50 TGCAGTATTA AGTTCTGATA CAACAACCTT ACGCATCATC AAGCAATATG AGCAGGCAGT 180  
 ACAAGCTTAT GCGGATGACC AAAGTGATAA ATTGTTCAAG CGAATGATGG ATGCGCAAGA 240

TATTACAAAA TACGTCTGGT AGCCCTATCG ACTCGAACAA AATTAGCCAC ATTATTAAAG 540  
 GGGGGCGCTG ATATTAGTTC TATTAAGAAA CCTATAACGA CGCATACATT ACATCATTCG 600  
 5 CATATATCTA CACTTGCTCA ATTAGGAATT AACTTAAAAG CAATGCAAGA GCATGTAGGT 660  
 CATTCAAGATT ATAAAArAAA TCTAGAGATA TACACACATG TTAATAATCA GATGGCGAAA 720  
 GATATGATGA ATAAATTGGA ACGATTGGGG AGTTAAAATT GGAAAAAGAT GaTACACTAG 780  
 10 CAGAAATTAA GCCTATGCTC AATTTTGATG AGCAAATAGC AAAATTAAAA CAGATGAATA 840  
 TATTTTAA TATTATTGAC ACCGAAAAAG CAAATGAAAT TCTTAGAAAA AATAATTACT 900  
 15 TCTTCAAACt wGcTTATTTTC CGaAAAAAATT TCGrAAAAAA GaATGGCGGC TATTTTCATAG 960  
 AATTTGCTTA TTTATCAGAT TTAGCAACTA TAGATATGaA ATTAAGATAC ACAATGTTGC 1020  
 ATTTAACTTT AGATATTGAA CATAGTTTAA AGTATCTAGT CTAAAACTA ATAACAGAAA 1080  
 20 ATAACCAAGA AGATGGTTAT AAAATAATAG ATGAGTTCTT ATGTATTGaT AAATCATATA 1140  
 GCAATTCAAA TTTTGACACA AATTCAAGAA CACCAGAAGA AGTTATGGAA ACCAAAATCA 1200  
 AAAATAAAAA CGAAATATTC AAGCATATGA ATAAACGAGG ACAACTACCC GAGAAGTTGa 1260  
 25 ATAAATACTA TCmAAATCCA CCCGcnnGGk TTTGCaTTGr ATTcATGCAa CTAGGTCAAT 1320  
 TCGTTTCGTT TCTCAACTTC TATTACAAGA AGTACAATGA CGAAGAATTG AGAGTTGCTA 1380  
 ATATTTTAAT GCCTTTAGTT AAAAATATAA GAAaCAAATC AGCTCATAAC CAACCCATCA 1440  
 30 TAGCAAATCT AAATTATGAC AGTAGATTAC CTCAATATTT ATTTGAAAAA GGGAATAATA 1500  
 TAGGCATATC TAGAAACATG TTCGGAATAA AAAATTTcAT AGATACTkTC ksTACGCTAG 1560  
 AATTACATAA TCAAGTTTGT AGTAATGCAa TTATCCAAGC AAGATATCAC GATTTGGACC 1620  
 35 AACTTCAAAA GCGATATAAA AGrAACGrAA GCTATTATAA TAATGCATTA GCTATCAAAA 1680  
 GATTFTTTAT AGCTTTAGAT AAAATTATTG ACTTCAACAG ACCAAAAGTA TAACTATCT 1740  
 AGTGAGGAAA GAGACTTATA GGTCTCGCGA GTTATTTTAA TTCGTATGCA AGAAAAAGAA 1800  
 40 GAGCTATGCA TTTTATTAA AATGCGTAGT TCttTTTTA TGCATCTAAA TTCATATTAT 1860  
 TTTTGCAATA TAAACATATC TTTGTGCAAA TTCCGAACAC AAAACATTCA CATCATCCTT 1920  
 45 TTTtGCCCTT TTTCTATACC CCAAAACACA AAAAGCCCCG TAAGCCTATG CcTACGGGgT 1980  
 TTGACAATAA ATTATATATT ATTGTTCTTC TTAAACATAT GGTAATAATG CCATATGACG 2040  
 AGAACGTTTG ATAGCTGTAG TCAaCATACG TTGATATTTA GCTGAAGTAC CAGTTACACG 2100  
 50 ACGTGGTAAA ATTTTACCGC GTTCTGAGAT AAAACGTTTT AATAATTCAG TGTCTTTGTA 2160  
 GTCGATATGT GTAATACCAT TTGCTGTGAA ATAGCATACT TTTTACGAC GACGTCCGCC 2220

55

CACCATTGTT AAGTCTGTTT AATGACTTAA AAATAGATAG ACGTTTAATC GGTTTGATTA 480  
 TCGGTTTTTG TTTATGTTTC CCGTATGTGT TATTACCATA TGGATTCCGT CAAATTTTCC 540  
 5 AGCAAATTAT TCAAAGTGGC TTTGCAAAGG CAAATCACCC AATTGAGTTT AATATGATTT 600  
 GGAAAGCAAT GCTTATTCCT TCAATGGGGT ATATTGTTGG CTTACTTATC GGTTTATATG 660  
 TATATCGTAA ACCACGTGAA TATGAAACAC GTAAATTTTC AGATAGTGAC AATGTTACAG 720  
 10 AGTTAAAACC ATATATCTTA ATAGTAACAA TTGTAGCAAT ACTAGCTACA TTTTATAGTAC 780  
 AAACATTTAC AGATTCAATG ATTTTTGGTG CACTGGCAGG GGTACTCGTA TTCTTTATTT 840  
 CACGTGCATA TAATTGGTAT GAATTAGATG CTAAGTTTGT TGAAGGTATT AAAATTATGG 900  
 15 CTTATATTGG TGTAGTTATT TTAACAGCAA ATGGATTTGC TGGTGTAATG AATGCTACTG 960  
 GTGATATAGA TGAATTAGTT AAAACTTTAA CAAGTATTAC TGGTGATAAT AAATTATTTA 1020  
 GCATTATCAT GATGTATGTG ATAGGTTTAA TTGTCACTTT AGGTATTGGA TCATCATTTG 1080  
 20 CAACAATTCC TATTATCGCA TCATTATTCA TTCCTTTTGG AGCGTCAATT GGACTAGATA 1140  
 CAATGGCATT AATCGCATTG ATTGGAACAG CGAGTGCATT AGGTGACTCA GGTTCGCCTG 1200  
 25 CAAGTGATTC AACATTAGGA CCAACTGCGG GATTAAATGT TGATGGCCAm CATGATCATA 1260  
 TACGTGATAC ATGTGTACCA AACTTCTTGT TTTATAATAT TCCTTTAAAT GATTTTCGGT 1320  
 ACTATTGCTG CTATGGTACT 1340

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 246:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3365 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 35 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 246:

40 CAAAATCTAA GAGAATAAaA TTTGTTAATT TnAAATAGCA AGCAATTCAA AGTTATATGT 60  
 GTAATAGATA AAATAGATAT CCCTATAGTG ATGCGTTACT AGCTAAACAT AATAACACAT 120  
 TAGAAGATAA TGAAGTTAAG GAGTTACTGG ATTGTTTCGA CTATGTAATT AAGTATAAAA 180  
 45 ATATCCAACG ACAAACGTA ATTATAAAAT GGTAAGCT ATGGTACAGT TTCAAATTGC 240  
 TAATGACATG CGTATCGGTG AGCTACTTGC AATAAGAGA GTAAATATAA ACTATGAAGA 300  
 50 TAAAACGCTA GATATCGACG GTAAAGTTAA TTGGATAACT GAAAAAAGAC GGGAGCATTC 360  
 GGAGTAAAGG AGACAACTGA AAGAAGTAAT AGCTATAAGG CCACAGGGCT CACTACCCAA 420

55

TTGGTAAACG TTCGTTGCTG ATATATCTGT AAAATTGTTT GGACCGACAC CTGCAATAAA 1080  
 CTTAAACTCT GCTTCATCTA CCAAATAATC ATACGCTTGT GTATGTCTAT CCTGTGCGCC 1140  
 5 ATGTGGAAAT ACAAACATAT CTGTTTTACC TACAATTGGT TCAACTTCAT CTTTCCATCT 1200  
 TTTAGTATCA CGTTTAATAC CTTCTAAAGA TGTTTTTTTCA AAATTAATGT GACCATATGA 1260  
 ATGACTCGCA AATGACCATC CATCCCGTTT CATTGCGCGA ACAACTTCCT CAGCTGCCTT 1320  
 10 TTTATTCTTT GTATAATCTT TACTCGTTAA TTCATTCTGT CGATAACCTA ATACGCCCTC 1380  
 ATAACCGGTT AAAGCAACAA CACCTTTTTT ACCATTTAAA GAAAAATCTG GATGCTCTTT 1440  
 15 TACAAATTTA TTTAAAATTG GCACGATATC ATTGTCATCA GAATAAGTAG CATGGCCTTT 1500  
 TTTGTCTGTA GTTTCAGAAA CAACATGTTT ATTTTTATCG AGTACTAAAC GGTCAGCATA 1560  
 ACCATGGTGT CTCATGTAAC TATAGTAATT CATATCATCA ATTGAGATGA TTAGTGGCTT 1620  
 20 TTTACCTTTC GGCAATTTTA TTTTTTTGGC TTTTACATGA TGAGATGATA AGTCGTATAC 1680  
 ATCATGTGGA TTAACGATGA TGTAAATTATT TTTATATAAT TCGTTCAATG ATTTTTTAAA 1740  
 TTCACTTACA GTAATCATCC AATCATTGTT GCCCTTAGCT TGGTGTGTAT CTCCTGTAAA 1800  
 25 CGCAACTTTT GGGTCTGTAA TTAATGGGTG ATAAAACACA TGATAAACTT GGCCGTGATA 1860  
 TGTTTCCCAA TGTTTCATCCA TTTTcGATTT aTGCTTTGCA TACTCATTTG GATTAACAGA 1920  
 TTTATTktGA GCTTTCTCAT TTTGCTTGGA ACAGCTATAT mACAATGCAA CTGATAATAA 1980  
 30 CAGAAAAAAT AGCAATAAAT ATTTTTTATG CATTAAACAT TC 2022

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 245:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1340 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 245:

ATAGAGTGAT AAAGGATGGT TGTCATATGA TAAATGCAGT AGTAATAGCA GTAATTTTAA 60  
 45 TGATTGTGCT ATGTTTATGT CGATTAAACG TnTTATTAAG CTTATTTATC AGTGCGCTAG 120  
 TTGGTGGCTT AATTTcAGGC ATGAGCATTG AAAAAGTTAT AAATGTATTT GGGAAAAATA 180  
 TAGTCGATGG TGCTGAGGTA GCATTAAGCT ATGCTTTATT AGGTGGATTT GCAGCATTA 240  
 50 TTTCATACAG TGGTATCACA GACTATTTAG TAGGAAAAAT TATAAATGCA ATTCACGCTG 300  
 AAAATAGTCG ATGGTCAAGA GTTAAAGTCA AAGTGACAAT AATCATTGCA TTATTAGCTA 360

TAGCAGGTAG TCTAGGATAC CTAGTCACTG AGATTTTAGA TCGTAAGTWA CACGCACAGT 9840  
 TTATCCCAGA ATTcATTGGT TcATTAGTTA tTGGGATTAT CGCCGTTATT GGACATACAC 9900  
 5 TTATTCCAAC AGGTGACTTG GCAACTATTA TCATTGCGGC AGTCATGCCT ATTGTTCCCTG 9960  
 GTGTATTAAT AACAAACGCA ATACAAGATT TATTTGGTGG ACACATGTTG ATGTTCACAA 10020  
 CGAAATCATT AGAAGCATTG GTTTnGCGTT TGGCATCGGT GCTGGCGTTG GTAGCGTATT 10080  
 10 AATTTTAGTA TAGGAGTATC AGACTATGTT TTGGATCTTA AACTTTATCT TTAGCTTTTT 10140  
 AGCTTC 10146

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 244:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2022 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 244:

25 ATTTAATTGG TTGGTGGCGT ATTCTCnTTT CCAAGATTTG CCACGATTGG ATGTTCAGTC 60  
 GACAAATATG TAACCAGTCC CGATAAATTA CGTTCCTCAA TCATTGATAG TATGTCTGGT 120  
 GTTTGTAACG ATTTATCGAG TAAGGCATCA AGCAATTGAT AATGTCCCAA TACAACAAAA 180  
 30 TGCACGTTGT CTCTCAACTG CTGTTGAATA AACTGAATAA AGAGCTTTAA GCTCTGTTGC 240  
 ACATTGCTA ATGATGGTGC ATAGTTTTTC AAACCAACTT GTACAGCCGC TTCATTATTC 300  
 CGAATGATTA AACCTGTGTA TGCCACTTTT GTTGCTGCAG TTGGATACAT TGAGTAATAA 360  
 35 CGCAATAATT GATCTGTAAA ATCATTTCGA AGTGCATAAA TTTGATGCTC ATGTTGCCAA 420  
 AAATtTCGCT CACCCATCTG CTgCAAATCC TCATGGTTCA ATTGTTTCCA GTCCAACTTT 480  
 TCAACcCACAC TAAAATCAAC TAACTCATAA TCCGCTTTAT TAAAATATTT TAAAATGCT 540  
 40 GTTTCCGATT CTTTTAACGC AATTAATTGT TCTGnATTAT TCACTCGACC ACCCTTTACT 600  
 TTCAATACTG TATTTAAAAT CACTTGGTAT TITCGTTGTT TGCTTTACTT CTCTACCACG 660  
 CTAAAGTGTA ATATGATTAA TAACTTATCA TTTTtagCAA TACATTACAA CCTTTTTTCAG 720  
 45 AAAATTCGGT GTATTGATTT TAAAATTTTT TAAAATAnAA AAGGCAAGAC ATTTGTGCCT 780  
 ATAAAAATGC TTAACCAAGA TTTTtATATT GaAGTTGTAC TTCTTGACA TATTGTCCTT 840  
 50 GCCTTATTAT GTAAAGTTAT TTTCTTTCTA TCTTTTTATT AAATTTAACT ATTCTTCATA 900  
 ATCCCgATTc CCTTTAAAGT AACGTCTATC TTGTTTACTA TATACATTTT CAGGATTAAA 960



EP 0 786 519 A2

	TATGATAAAA TTTATAAAGA ACTGATGATT TTTGAAAAGG AGCGATAAAC ATGAGTCAAG	8040
	CAGCCGAAAC ATTAGATGGT TGGTATAGTC TACATTTATT TTATGCAGTT GATTGGGCAT	8100
5	CATTACGTAT AGTTCCAAAG GACGAACGCG ATGCACTTGT CACTGAATTT CAATCATTTT	8160
	TAGAAAATAC AGCAACTGTA AGATCATCAA AATCTGGTGA TCAAGCTATT TATAATATAA	8220
	CTGGTCAAAA AGCAGATTTG TTATTATGGT TCTTACGTCC TGAAATGAAG TCTTTAAATC	8280
10	ATATTGAAAA TGAATTTAAC AAATTGCGCA TTGCTGACTT CCTAATCCCT ACATATTCAT	8340
	ATGTATCAGT CATTGAATTG AGCAATTATT TAGCTGGTAA ATCTGATGAA GATCCTTATG	8400
	AGAACCCTCA TATCAAAGCA AGATTATACC CAGAATTACC ACATTCTGAT TATATTTGTT	8460
15	TCTATCCAAT GAACAAACGT CGTAATGAAA CTTATAACTG GTACATGTTA ACTATGGAAG	8520
	AACGCCAAAA ATTAATGTAT GACCATGGTA TGATTGGTAG AAAATATGCT GGCAAAATCA	8580
20	AACAATTTAT TACTGGTTCT GTAGGGTTTG ATGATTTCTGA ATGGGGCGTA ACATTGTTCT	8640
	CAGATGACGT ATTACAATTC AAAAAAATTG TATACGAAAT GCGCTTTGAT GAAACAACAG	8700
	CACGATACGG TGAATTCGGT AGTTTCTTTG TAGGACATAT TATTAACACA AACGAATTCG	8760
25	ATCAATTCTT TGCATTTCT TAATACATTG GTACGTTTAT AAATTAATAA AAAAATTCCA	8820
	AGCTTATCGG TTTAAGCTTG GAATTTTTCG TTTATCTTCA GTATATTCCC GTATACATAA	8880
	GACGTGATTT GGTAAATAGT TGAAATCTGT ATGTTTAAAC TTATATATAT GTGCTAATGT	8940
30	ATTATCAATA ACAAAGtACA CTTTGCTCAT AGCAAgTsaC CCGAgTAGTC TTCCTTGGGA	9000
	GAACTTTAAC TACTATCACT ACATATAAAC GTTAACCTCA ATAGAAATTA TACAGTCGCT	9060
	ACTCTATACA ATTTTTGTAA TGGTTAACTA ATATTATTTT AACCTATTTG AAATATTTGA	9120
35	AACATATTTT TGTCGAATTT TTTTCAATAA TTTTTCCTTT TTATACTTCA AGAGAATTTT	9180
	AACTACTAAA AATTCCGATG ATTATTATTA CAATAGTATC AAATATTAGT TTTTAAAAAT	9240
	CAATAACAAC TTATCAAAAA GCTCATGTGG TTATTTTATA GTGTATAAAC TATAATGAGT	9300
40	ATTAAATTCT TATAAACAAT GGTGATGAAA TGGACATAAA TTCAGAAGAA TACAAACAAG	9360
	AGGTACTTAT CAAAGACGTT GTCATGCTTG CTGCTCGCAT ACTATTAGAA TCTGGTGCAG	9420
45	AAGGTACGCG TGTAGAAGAT ACCATGACAC GTATTGCAAA AAAACTTGGT TACAGTGAAA	9480
	GTAACAGCTT TGTTACAAAC ACTGTCATCC AGTTTACGTT ACATTCGGAA TCGTTTCCTA	9540
	GAATATTTAG AATTACCTCT CGAGATACAA ACTTAATAAA AATTTCTCAA GCTAATAAAA	9600
50	TTTCGCGTCA AATTACAAAC AATGAAATTT CTTTAGCCGA AGCAAAAACG CAACTTGAAA	9660
	AAATATATGT TGCTAAGCGT GACAGCAGTC TTCCCTTTAA AGGTTTTGCT GCAGCAATGA	9720

55

	TTACATCTTG AACAGTAATC GTTTTGTTAA GCAATGTCTC TAATGAGGCC ATACAAGATG	6240
	GTTCAATTTT AGGATATTTA AATTTAGTCA CTTACCTTTT TAAAGCATGT TCATAAAATG	6300
5	TTTGCATCAT CAATGCACGT TCTGAACCAG AGCCTTCAAC ACAAAGATAA ATTTGTACAG	6360
	CAATACCGCC TCTAACTCTT CGTTGCGATA TGCCTGCAAA TTTCTTACCA TCGATACTTA	6420
	AGTCAAATTT TCCTGGGCAA TAAGAATGTT CAATTTCCAT CGTATCAATA TCAACATTCT	6480
10	CATTTTCGAA CATTTTGCTA ATTAAGAGGT ACATCACAGT AAACGCTTCA TCAATCGTTG	6540
	TTTCTGTTTG TCCTTTGAAC ATCAGCGATA TATTTAATAC ACCTTGATCT AGAACGACAC	6600
	CTAAGCCACC AGAATTTCTA ACAATGGCAT TATAACCAAT CTCATTGCTT AAATAATCAA	6660
15	TGCCATCTTT TAAAAACGGC AATCTTGAAT CATGAATACC AAGAATAACA GTATGTTGAT	6720
	GAATCCAAGT ACGCACAAACA TTATCTGATA TATCTTTGCC CACACTTTTCG CAAAATGTAT	6780
	CATCGAATGC GAAAGATTGC ATAGGTTCTA ATCCAGAAGA ATGATCGATA TATCGCCAGT	6840
20	TGACGCCATT AAAATATTTA CTCGCTAAAT CCATCGTTAT TGTAAGGCTT GCGCTGCTGT	6900
	AATAATTGAA AGATTGTATA CATCTTCAAT TGAGCAGCCA CGTGATAAGT CATTTACTGG	6960
	AGAATTTAAA CCTTGTAATA CTGGACCAAC TGCATCATAT CCACCTAAAC GTTGTGCAAT	7020
25	TTTGTAACCA ATATTACCAG CTTCTAAACT TGGGAATACA AAGACATTTG CATCACCTTG	7080
	TAATTTAGCA CCTGGCGCTT TTTTCTCAGC AACACCTGGT ACAATCGCAG CATCAAATTG	7140
30	GAATTCGCCA TCAATGATTG CTTCTAATTT TtCTTCTTCA GCTTTTtGTT GTGCTAATTT	7200
	GACAGCTTCT TGAACTTTTG TCACGTCGTC TGATTTAGCA GACCCTTTTG TTGAAAAGCT	7260
	TAACATTGCA ACTTTTGGAT CCATGCCAAA GCTTAATGCT GATTTTGCAC TTTCTACTGC	7320
35	AATTTCTGCA AGTCCTTG TG AATCAAGTTC TGGATTGATT GCACAATCAC CAAAGATGTA	7380
	TTGTTTCATCA CCTTTAATCA TAAAGAAGAT ACCTGATGTT CTTGATACAC CTGGTTTCGT	7440
	TTTGATGATT TGTAAGCTG GACGCACAGT GTCGCCTGTT GAATGTGCTG CACCACTAAC	7500
40	TAAACCATCT GCTTTACCAG CATAAACAAG CATTGTACCG AAGTAGTTCA CATTGTTTAA	7560
	TAATTCCTGT GCTTGTTCTT CAGTCGCTTT ACCTTTACGT CGTTCAACAA ATGATTGAAC	7620
	TAATTCAGCT TTCAATTCAC TTGTGCGCAGG ATTAATTAAT TCAATATTAG AAATATCAAG	7680
45	ATCAAGTTTT TGCGCTAAAG ATTGAACCTT AGTCTCATCA CCTAACACGA TTGGTGTAAC	7740
	ATAATCTGTT GCTTGTAATT GTGTTGCAGC TGTTAGAACA CGTTCGTCCT CTCCTTCAGG	7800
50	TAATACGATT TTAACGTTTT TACCAGAAAG TTTGTCTTTT AATACATTTA ATAAATCAGC	7860
	CATAATGTCC TCCTGTAATA TAAATCTTAT TAATCATTCA CGGTATAATT ATACGCCATT	7920

55

	AAAAGTGACT TTCGTTTCAG TGTA AAAATTT TTCTAATGTA ACAGATATGC TATTATTTCAT	4440
	TGGAATGATT AGTGCTTCAT CTTTTTTTACC CCAATATTTT ATAAGTGCAA TATTCGTATG	4500
5	TGCACGTGCT TTGCCACTTT TAATCAACGC ATTAACCTCC TAAATTCTCA ATCCAAGTAT	4560
	GTGCTGCACC AGCTTTTTCT ACAGCTTTTA CAATATTTTT CGCTGTTGGT AAATCTTTGG	4620
10	CAAGCAATAA CATACTTCCA CCACGACCAG CGCCAGTAAG TTTTCCAGCA ATCGCACCAT	4680
	TTTCTTTACC AATTTTCATT AATTGTTCTA TTTTATCATG ACTAACTGTC AACGCCTTTA	4740
	AATCCGCATG ACATTCATTA AAAATATCCG CTAAGGCTTC AAAGTTATGA TGTTCATCA	4800
15	CATCACTCGC ACGTAAACT AACTTACCGA TATGTTTTAC ATGTGACATG TACTGAGGGT	4860
	CCTCACAAAG TTTATGAACA TCTTCTACTG CTTGTCTTGT TGAACCTTTC ACACCAGTAT	4920
	CTATAACAAC CATATAGCCG TCTAACTTA ACGTTTTCAA CGTTTCAGCA TGACCTTTTT	4980
20	GGAACCAAAC TGGTTTGCCT GATACAATCG TTTGCGTATC AATACCACTT GGTTTACCAT	5040
	GTGCAATTG CTCTGCCCAA TTAGCCTTTT CAATGAGTTC TTCTTTCGTT AATGATTTC	5100
	CTAAAAATC ATAACCTGCA CGAACAAAAG CAACCGCGAC AGCTGCACTC GATCCTAATC	5160
25	CACGTGATGG TGGTAAATTC GTTTGGATCG TTACTGCTAG CGGCTCTGTA ATATTATTTA	5220
	ATTCTACAAA ACGGTTCAAC AAAGACTTAA GATGGTCAGG CGCATCATAT AACATACCAT	5280
	CGTAAACATC GCTTTTAATA GACGAATAGT TCCCGCTCTC TAAGGCTTCT ATTA AAAACTT	5340
30	TGATTTTACC TGC GTTAAAC GGTACTGCAA TAGCAGGCTC TCCAAATGTA ACAGCATGTT	5400
	CTCCTATTAA AATAATCTTA CCTGTGATT CCCCATATCC TTTTCTTGTC ATGTCAATAT	5460
	CACCTTTTAT ATTTATCCTA TACTTGATT ATTATTTTTA TTTATTAGTA AAAGACATCA	5520
35	TATTCTAAGT TGCatngCAT TCGCGTTAAA TTTCATTGCA GTCTTTATCT CACATTATTC	5580
	ATATTATGTA TAATCTTTAT TTTGAATTTA TATTTGACTT AACTTGATTA GTATAAACT	5640
40	AACTTTCGTT TACTTCAAAG TTTAAATCTT ATCGAGTGAT ATTTGAGATT CTTTATCTTT	5700
	TTATAAAATA GCCCTACAAT TTATAATTTT CCACCCTAAC TATAATACTA CAAATAATAA	5760
	TTGGAATATA TAGATTTACT ACTAAAGTAT TAGAACATTT CAATAGAAGG TCGTTTCTTT	5820
45	CATAGTCATA CGCATTATAT ATACCCTATT CTCAATCTAT TTAATACGTA AAACATGAAA	5880
	TTTTCTTATT AAATTTATTA TTTCCATCAT ATCATTACTT TTAATTTAAT GATGTTCAAT	5940
	TTAAATATTA GGTCAATAAC ATATTTATGC TTTTATGGA TACTTTCAA AATAACAGCC	6000
50	CCAAACGATA ACTTGAAAGG GGCTGTAAA TATTTAACTA TTGCATTGTA TCTATCATTT	6060
	TCTTGTTTCT TTCAATCATT TTATCAAAAT ACGTATCGTA TCTTTGCCAT TCTTCTTGAG	6120

55

	TGATGTTTTTA	GATGCGCCGT	GATACTTTTC	AGCAATATCA	CACAAATATT	TTAGCTTTTC	2640
	AGTTTCTATA	TCAACTGTAG	CTTCTTTATC	CATACGTTGA	ATAATTGTAC	GATTCTGACG	2700
5	CACCATCTTT	TGCACACCTT	TAATGTTATT	TGTTTTAAAA	GCATGAATAA	GTTTTTCAAC	2760
	ACAACGATGT	GAATCTTCTA	AGAAGTCACC	GTAAAAATGAA	GGATCTGATT	TCAAACGTTT	2820
	CACTTCGCTA	ACAAAGTGTG	GTGATGACGC	CGGTGAGCCA	GTCCAACCGA	TAAGTACTTC	2880
10	CATATTTTCA	GGTGCTTGTA	ATGGTTTCGAT	GTGCAATCCA	GGCCAGTTTT	TGATTAAAAC	2940
	TTCTTCAACC	GTAGTATCTT	CAATTTGATG	CTTAACCCAT	TCATGATCAA	AAGTACTATA	3000
	CGCTAGCCAT	CCACTATATA	CACTCACAGC	AATATCTCCG	CATGAACTTA	AACTTTGTAA	3060
15	CTTCATATTT	GCAATCACTG	CTAGTTTATA	AATGTATAAA	TTAGATAACT	TCATATCATA	3120
	AAATTCATTT	AATACTTTTA	TAAGTACAC	AAGTACTGCT	GCACTTGAAC	CTAATCCATA	3180
	TTTATGACCA	TTTGAATCAT	CTAAATTACT	ATCAATAGTC	AGATGAAAAT	GCTTCATCGC	3240
20	TATATCGCAA	CTTTTCGCGT	ATTGTTCAAA	TATTTCAATA	GCTGTGACCA	CATAATTTAA	3300
	TTGTTTTGCT	GcATGTGGAT	CTGAAATGAC	AATACTATCT	TCATCTCTAC	TAAATGTAAC	3360
25	TGGGTTATGA	TGTAATGCTT	TTGAATGAAT	GGTACCTTTA	TATTGGTCTG	CTTCTTCAAT	3420
	AGTAGCAGTT	ACAAAACGAT	CTAACGCAAT	AAGTACAGAT	TTATATCCTG	GTTCTGTTAC	3480
	AGCATATTCT	CCAGCAATAT	AAAGTTTTCC	GGGTGCTTTG	ACCTGAATCA	TTTTATCTCT	3540
30	TCCTTACTCA	ATTATTTCAA	TTCCTGTGGC	AATAATGTCA	CTATCAATAA	TTTGTTTATT	3600
	ATCAAAGTGT	GTTAATAATT	TATCTATAAT	CTGTTGCTTG	TTTTTCTTTT	CTACAAGTAT	3660
	TTTCACATTA	GGTCCCGCAT	CCATTGTAAA	ATAACACGGA	TACCCCGCTT	CTCGGCATTC	3720
35	GTGAACAAGC	GCCATGACAT	CATAACTTTC	TTGCACAAGA	TATGTGAACG	GCGGTGTTGA	3780
	TCCTAGATTG	GTGGCATGCA	TACGCAAACC	ATTTTCTTCA	ATTACTTCAC	CAAGGCGTTT	3840
	AAAATCTTTG	TCTTGAATCG	CTGCTTTTGC	TTCAGCTAAA	TCTTCATCAA	TATGATCTAA	3900
40	CCAATATTGA	TAAAACCTTG	ATGTGTTTCG	TGTCAATGAC	ATACCATATC	GACTIONGAT	3960
	CTTTTTAGAA	TGTTGATTAA	TCACAACAAA	TATCATGGCA	AGGTCATCTT	CAAAATGATT	4020
	CGATTCAAGT	GGAACGGCAT	ATGACGTCTC	ATCACTATAC	CCTTTTTCCC	ATTCTGCAAA	4080
45	TCCACCATAA	ATACTACGCG	ACGCAGAACC	CGAACCAATT	CGCGCCAATC	TCGATAAATC	4140
	CTTATCTGAC	AGCTGCATGT	CTAGCGCTTG	ATTACAAGCT	GCTGCTAAAG	CTGCATATGC	4200
	GCTTGCCGAT	GAAGCCAACC	CTGCTGCTGT	TGGTACAAAA	TTGTCGCTTT	CAATTTCTGC	4260
50	ATACCAATCG	ATGCCAGCTC	TATTTCTGAC	AATATCCATA	TATTTTGAAA	TTTTCTCTAA	4320
55							

TGTGTGCAAT GCGCTAAACA ATAAAAATTA CCACTTATTA GCAGACGATA ACAACATTGA 840  
 TGTACTGGAT TTTAAAGCGC AGTTTAAATC TAATACTGAA GTGAATTTAT TAGATCAACA 900  
 5 TGACGATATC GTCGATAGTA TTACTGCACC TCATATCATT ATTAATACCG GTGCTACCTC 960  
 TGTCATTCCCT AACATTAAAG GCCTTGATCA AGCTAAACAC GTCTTCGATT CGACAGGTTT 1020  
 ATTAAACATT AGCTATCAAC CTAAGCACCT CGTTATTGTA GGTGGCGGTT ATATCGCCTT 1080  
 10 AGAATTGCT TCAATGTTTG CGAATTTAGG TAGTAAGGTA ACAGTATTAG AACGTGGCGA 1140  
 ATCATTTATG CCACGCGAAG ATCAAGATGT CGTTGCATAT GGTATTACTG ACTTAGAAAA 1200  
 TAAAGGCATT GCATTGCATA CAAATGTTGA AACGACTGAA TTGTCATCTG ACAATCATCA 1260  
 15 TACAACAGTC CATACCAACG TTGGTAACTT TGAGGCTGAT GCAGTACTTT TGGCTATCGG 1320  
 GCGCAAACCG AATACGGATT TAGCTTTAGA AAATACTGAT ATCGAATTAG GCGACAGAGG 1380  
 CGAAATTAAA GTCAATGCTC ATCTTCAAAC AACTGTGCCG CATATTTATG CTGCAGGTGA 1440  
 20 TGTAAAGGC GGACTTCAAT TTACGTATAT ATCTTTAGAT GATTATCGAA TTATCAAATC 1500  
 AGCGTTATAT GGTAATCAGT CACGTACGAC TGACAATAGA GGCAGCGTGC CTTATACAGT 1560  
 25 ATTTATAGAT CCACCATTAT CACGTGTTGG ATTAAGTAGT AAAGAAGCTG CCGCTCAACA 1620  
 TTATGATTAC ACTGAACATC AACTTTTAGT AAGTGCTATA CCTCGTCATA AAATTAACAA 1680  
 TGATCCAAGA GGTTTATTTA AAGTAGTCAT TAATAATGAA AATAATATGA TTTTAGGTGC 1740  
 30 TACATTATAT GGTAAGCAAT CTGAAGAATT AATTAATATA ATTAACTTG CGATTGATCA 1800  
 AAACATTCCA TATACCGTAT TACGAGATAA TATTTATACG CATCCTACGA TGGCCGAATC 1860  
 ATTTAATGAT TTATTTAATT TCTAGACAAA ACATAAAAC CTGGTGGCAC GCATTGAATG 1920  
 35 ATGCTGCCAT CAGGCTTTAT TGTGTGCTT TTCGCTTTTC TAATTTTCT TTAAGCTTTC 1980  
 TATCTGTGTTT TTCTTTACGA CGTTTACGTT CTTTCATGTCG TTTTCTTAAA CGCTCTTCTT 2040  
 CTTCAGGATC ACGTGGTTTC TTTAATTGTT GAGAACTTT TTCGATTAAT TCTTCTTCAG 2100  
 40 TAAGCGCagc CAGTGGGCGG TTATTAACAA AAGTGAATGT TTTTCGGCGT CCAGGTCCAC 2160  
 AATAAGATTG ACAACCTATC ACGATTTACG CATCGGGATC TAATTTTTCC AACTTCTTTT 2220  
 45 GTAACGTTCT TATATTGACT GCCTGACATT CATCACAAAT AAGGAATGTA TTTTTCATAT 2280  
 TGCTACCCAC CTTTCTTTAT CATATCTATA TCGTCGATTT CATTAATTTT TTCGTAACT 2340  
 CTATCTATTT TACTCTTTTT AATATTTTTT TCAAGATACG TAACACGGCT GaCAATAAAA 2400  
 50 AATGGAGCAT TTATCTTCTA ATTAAATTAG ATGaTTGCTC CCCTATCAAA TCATTTATTG 2460  
 CCCATGATAA ATATTAAATT TTAATGGTTT AATACCATGT TTTGTCCATT CATCATAAAT 2520

55

GAATGTTTTTC AGTTTCTTTA CTCATGATGC CGATAAATAC TACAGGAATT AATTCTTTGA 1140  
 GAAATGAAGA AATCTCACAT GGCACGGCTA TTATGAACTT TGGTCGTGTA ATGGCTGGTT 1200  
 5 CACTAGGCAC AGCTTTAATG GTTACATTAA TGAGTTTTGG TGCAAAAATA TTTTATCTA 1260  
 CATCGCCATC GCATTTAACT GCAACTGAAA TTAAACAGCA ATCCATTGCT ATAGGGGTGG 1320  
 ATATCTCATT TGCTTTTGTA GCTGTGCTTG TTATGGCAGC TTATGTGATA GCACTTTTGA 1380  
 10 TAAGAGAACC TAAAGAAATA GAAAGTAATA GAAGGAAATT TTAAAATAAT TATAGTAGTT 1440  
 GGTCTATTTA AAATAATAGG CTAAGTCTT TTTTATTTA ATAAAAAGTT TTATACTTTT 1500  
 AGTGATAGAC TAAGCAAAAA TTGTTATTTG CTATGATGTA GATGTCTTAA AATGATTAAG 1560  
 15 GGGGATTTGC TTTGTAAACG GTAGATCAAG TGAAAGAATT GGTAGGAGAA ATTAAAGATC 1620  
 CTATTATAGA TGTGCCTTTA AAAGAAACAG AAGGTATTGT TGAnGTTTCT ATTAAGGGAG 1680  
 20 AAnAAGAACA TGTGAGTGTT 1700

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 243:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 10146 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 243:

30 TGCATCAACT TTCAAACAAT AAATCATCAC AATAACCACA CCTAATTCAA CACTTTTCAA 60  
 ACATAAGTAT TGACACATTG AGCAAAATGA TTTTAATTG TAACTAATAC AGTTACAATT 120  
 35 ATGAGGTGAG AAACATTGAA TTTAGAATTT AACATTGCCG TGCATGTATT AGCTTTTFTA 180  
 ACTAAGCATC aTTCAGAAAA ATTCAATAGT AGTTCATTAG CAGAAaTTAaC TTGTTTAAAT 240  
 40 CCTGTTCAAT TACGACGCGT GACGACTCAA CTTGTCGATT TAAAAATGAT TGACACAATA 300  
 CGAGGTAAAG ATGGCGGTTA TTTAGCAAAT GATCAAAGTG CTGATGTCTC TCTAGCAACA 360  
 TTATaTAAAC ATTTTGCTT AGAGAAAGAA CACCACACAC GTCTATTTAC TGGCGACGAA 420  
 45 GGCAGTCACT GTCAAATTGC TCGTAATATT GCAACTACCA TGTCACATTA TCAGCAAGAC 480  
 GAACAGAATA TCATTATTAA TTTTATAAT GGAAAAACAA TCAAAGATGT CATTGAAGAC 540  
 ATTCAAAAGG AGGATTTATG TCATGAAAAC ATATGATTTA ATTGTAATAG GATTTGGGAA 600  
 50 AGCTGGTAAA ACTTTAGCGA AATACGCTGC ATCAACAGGT CAACACGTCG CAGTTATCGA 660  
 ACAATCTCCG AAAATGTATG GAGGCACTTG TATAAACATA GGATGTATAC CTTCGAAGAC 720

AACGATCATT GCTCTTATCG CTCTAGGTTT AAGTCCTTTC GCTTTTTTCGC GTTCAAATTT 4740  
 TTCAGCAGTC GCCTTAATTG CTGCAGCTTC CACTTTCTTT AAATTTTTTAC CGTGCTTAGC 4800  
 5 ATCCACTGAT ACAGGATAgT AtCCTTTATC AATAAAAAAT tGTTCCCATTT TTGACATCTC 4860  
 ATTTAAATTA GACATATCTT TTTTATTTAA TATAACAACA CGTGGTTTTT GGTTAATAAC 4920  
 10 TTCATCTATC ATAGGGTTTC TTGAACTATA TGGAATTCTT GCATCTACTA GTTCAAACAC 4980  
 TACATCTACT TTTTTTAATT 5000

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 242:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1700 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 242:

AACCCGnAGA CGAAACTnCA TAGTTGCCTG TTATGTTGAT TAGTGCGTTT GTAGCTATTT 60  
 25 nAAATCAAAC ATTATTAAAT ACAGCGTTAc CTAGTATAAT GAGAGAATTA AATATCAATG 120  
 AAAGTACATC GCAATGGCTA GTTACTGGGT TTATGCTTGT TAATGGCGTC ATGATACCTC 180  
 TGACGGCATA TCTAATGGAT AGAATTAAAA CTAGACCTTT ATACTTAGCG GCGATGGGGA 240  
 30 CATTTTTATT AGGTTCTATT GTTGCAGCCT TAGCTCCGAA TTTTGGAGTT TTAATGTTAG 300  
 CTCGTGTAAT TCAAGCGATG GGTGCAGGCG TACTTATGCC CTTAATGCAA TTTACGTTAT 360  
 TTACATTGTT CAGTAAAGAA CATCGAGGTy TtGCAATGGG ACTAGCAGGT TTAGTAATTC 420  
 35 AATTTGCACC AGCAATAGGA CCTACAGTTA CAGGATTAAAT TATTGATCAA GCGAGTTGGC 480  
 GAGTfCCATT TATTATAATT GTAGGAATTG CTATACTTGC CTTTGTTTTT GGTTTGGTTT 540  
 CAATCTCGAG TTACAATGAA GTGAAATATA CGAAATTAGA TAAGCGTTCA GTAATGTATT 600  
 40 CAACTATTGG GTTCGGGTTA ATGCTATACG CATTIAGTAG TGCAGGAGAT TTAGGATTTA 660  
 CAAGTCCAAT AGTAATAGGT GCGTTGATAT TAAGTATGGT TATTATCTAT TTATTTATAC 720  
 GTAGACAATT TAATATTACT AATGCACTTT TAAATTTAAG GGTTTTTAAA AATAGAACAT 780  
 45 TTGCATTATG TACGATTAGT TCAATGATTA TAATGATGTC AATGGTTGGA CCTGCGCTGC 840  
 TTATACCGCT ATATGTTCAA AACAGTTTAT CTTTATCTGC CTTGTTATCA GGACTTGTTA 900  
 50 TCATGCCTGG TGCAATAATA AATGGTATTA TGTCAGTTTT TACAGGTAAA TTTTATGATA 960  
 AGTATGGTCC TAGACCATTG ATTTATACTG GTTTTACAAT TTTAACAATT ACTACAATTA 1020

## EP 0 786 519 A2

	AGATCTTTTC	AGGAGTCTTC	GCAGCAACTT	CTTCAATCTC	AGTGCCCCCT	TCTTCAGACG	2940
	CCATCAATGT	TACTTGGTCA	GTCGCACGAT	CAATAACGAA	TCCAACGTAA	TATTCTTTTT	3000
5	GAATAGCACA	ACCTTCTTCG	ATATATAAAC	GCTTAATTTT	TTTACCTTCT	GGACCAGTTT	3060
	GATGTGTCAC	CAAAGTTTTT	CCTAATAATT	CTTTTGCATA	TGTTTCTACC	TCAGATAAAG	3120
	ATTTAGCAAT	TTTTACTCCG	CCTGCTTTAC	CTCTACCTCC	AGCATGAATT	TGTGCTTTTA	3180
10	CAACATAAAC	ATCAGAATTT	AATTCTTTTG	CTTTCTCCAC	CGCTTCTTCA	GCAGTAAATG	3240
	CTACTCGTCC	TTCTGGAAC	GCAACGCCCA	TTGAACGAAA	TATTTCTTTA	CCTTGATACT	3300
	CGTGGATATT	CATCTTCCAT	CCTCCTGTTA	CTTAGGTTAA	GTTCCCTTAC	AATTATAAAA	3360
15	AATGTAAGCG	CTATTGTAAA	CTTAAATGCT	ACTTTTTTAT	CATTTAATTG	AATTTTACGA	3420
	TTTACAGTAA	CGATTTTATA	GGTTCAAAGC	TTTTTCTATG	CTCTTTCATA	ATGCCAATAT	3480
	CATCGATTGC	TAGTAAATGT	TGTTTGGTAC	CGTAACCCGC	GTTTTTTTCA	AAACCATATT	3540
20	CAGGATAATC	TTTAGATAAC	TGTGTCATAT	AATCATCACG	AAAAACCTTT	GCCATGATAC	3600
	TTGCAGCTGC	AATGGACACA	CTTCTTGCAT	CACCCTTGAT	TAAAGATACT	TGAGGCAGTG	3660
	CATTATCAAG	CGTCATCGCG	TCTATCAATA	AATGCGTTGG	TTGTACTGAT	AATCCATCAA	3720
25	TAGCTCGCTG	CATGGCGATT	TGAGTAGCTT	TATAAATATT	AAATTCATCT	ATTTCTTnCA	3780
	GtGTCGCGAT	CCCATATGCA	AAAGCAGTAA	CTTCATTTTT	TAGTGCTTCA	TTTAATTCTA	3840
30	GACGTTTCGT	AACAGGTACT	TTTTTCGAGT	CATCAAGGCC	CAAATAATTG	TGATTTGAAT	3900
	TTAAAATTGT	TGCGCATGCA	ACGACTGGAC	CTGCTAAAGG	TCCTCTTCCA	ACTTCATCAA	3960
	TCCCACAAAT	AATAGCATT	GGATGCTCTT	TTAATATTTT	ATTTTCAAAG	TAAGTCATTT	4020
35	CAACATACTT	TTCTTTTAAA	GCTTGTTCTT	TTTCTAACGC	TTTTCTGCGC	CTAGCTATGG	4080
	CATTITGAAC	ACCTTTTCGC	TCATCTAAAA	AGCATTCATG	ATTTTCTAAT	TCTTCTATTG	4140
	TATTAAACCGC	ATTAATCAAC	TGCGTAACTT	CTTTAATTGT	TAGCGTCATT	TGCTAATTCC	4200
40	TCAGTCATAT	CTTTAAAAAT	ATCAAAACAA	TAATTTCCCTA	TTTTAGCATT	TCGAATATCA	4260
	TAAATAATCA	GTTCAATGAC	TGCTTCGTAA	TCAATTTTCA	TACCACGTCG	AATTAAGCCC	4320
	ACGTTTTTTT	CCTATCGCAT	CAAACCACGC	TATGATTTCT	GCACTTTCAG	GAACCTCAAT	4380
45	ATTATAATGT	GACTTTAATC	GCGCTAAATC	ATTTTGAATT	AAAAAGTTTA	ATCCATAGAT	4440
	GGCAACTTCA	TCTAAGTGCA	CAATACTATC	TTTTATCGCA	CCAGTTAAAC	TCAACTTCTT	4500
	ACCGACTTCT	TCATCTTCAA	ATTTAGGCCA	AAGTATCCCT	GGTGTGTCTA	ATAGTTGTAA	4560
50	TGCATTACCA	ACTTTAATCC	ATTGTTGTTG	TTTGGTCACA	CCTGGTTTAT	TACCAGTCTG	4620

55



	GTAGGAGGTA AAATAATTAA CTTGTCTTTC CAAAATATGA AAAGTGTACT AAAaTTCATC	1140
	GCACGACAAA TAGCCCATTT CCGATACTTT TATAAAGTAT GGAaTGGGCT ATAGCCATTT	1200
5	ATATCATCTT TTAACTTTAT TTATTAACAG TTAATAATGA TTCATAAATA CCTGCTTCTT	1260
	TAGCAGCTTC AATTAATGTT GAACCAATTT CTGAAGGTGT TGCCGCTGTT TTCACACCAC	1320
10	AACTATTTAA TGTTTTAATT TTCTCTTCAG CAGTACCTTT ACCACCTGAA ATGATTGCAC	1380
	CAGCATGTCC CATACGTTTT CCAGGAGGTG CTGTTTGTCC ACCGATAAAG CCTACAACCTG	1440
	GTTTTGTCAT ATTCGCTTTA ATCCATTCAG CTGCTTCTTC TTCAGCCGTA CCACCGATTT	1500
15	CACCAATCAT AACAACTGCT TTCGTTTCGT CATCTTCATT GAATGCTTTT AAAACATCAA	1560
	TAAAGTTTGT TCCGTTGACT GGGTCTCCAC CAATACCAAC AGCTGTAGTT TGACCAATAC	1620
	CTTCTTCAGT CAATTGGTGC ACTGCTTCAT ATGTTAATGT ACCTGAACGA GATACTACAC	1680
20	CAACATGACC TTTTTTGTA ATATAGCCAG GCATAATACC AATTTTACAT TCATCTGCTG	1740
	TAATCACACC TGGACAGTTC GGACCAACTA AACGTGTTTT TCTACCTTGT AAGTAGCGTT	1800
	TAACTTTAAC CATGTCTAAT ACAGGAATAT GTTCAGTGAT ACAAATAACC ATATCTAAGT	1860
25	CTGCATCAGC TGCTTCTAAA ATTGAGTCTG CAGCAAATGG TGCTGGAACG TAAATGACTG	1920
	AAACCGTTGC CCCAGTTTCA TTTTGTAGCTT CTTCAACAGT GTTGAAAACA GGAACGCCTT	1980
	CAACAACCTG ACCACCTTTA CCAGGCGTCA CACCTGCTAC TATTTTCGTA CCATAATCAA	2040
30	GCATTTGTTT TGTATGGAAA AGGGCAGTAG ACCCTGTAAT ACCTTGTAAC ATTACTTTAG	2100
	TATTCTTATC TATAAATACA CTCATCTTAG TGCTCCCATC CTTTCCTTAT GCTTCTTTGA	2160
	CTAGTTTAAC AATTTTTTGT GCACCTTCAG CCATTGTTGC TGCTGGTTCA ATTGCTAATC	2220
35	CTGAGTCTTT TAAGATTTTT TTACCTAACT CAACATTTGT ACCTTCTAGG CGTACAACCTA	2280
	GTGGTAAAGT TAAATCTACT TCTTTTACAG CTTCAACGAT ACCTTCTGCG ATAACATCAC	2340
40	ATTTTATAAT GCCACCGAAA ATGTTTACAA AAATACCTTT AACATTTTCA TCACCTAAAA	2400
	TGATTTTAAA TGCTTCAGTT ACTTTTTCTC TAGTAGCGCT TCCGCCTGCA TCTAAGAAAT	2460
	TGGCTGGGTT TCCACCGAAA TGATTAATCG TATCCATTGT TGCCATGGCT AAACCTGCAC	2520
45	CATTAACCAT ACATCCGATG TCACCATCTA ATGCAATGTA TGATAAATCA TGTTTAGACG	2580
	CTTCAATCTC TTTCGGATCT TCTTCTTCTA AATCACGTAA TTCTACAACA TCTTTATGTC	2640
	TGAATAATGC ATTATCATCA AAATTAATTT TAGCATCTAA TGCCAATACA TCACCATCAG	2700
50	CTGTTGTAAC TAATGGGTTG ATTTCTACGA TTGAACAATC TTTTCAATG AATACATTAT	2760
	AAAGTGCTAA TAAGAATTTA GCAGCTTTGT TAACAGATTC TTTAGGAATA TTAATATTAA	2820

55

TTAATCGGCG TACCATTTGC AGCAGGTGTC GTTAACTTTG TCGTGCTAAC TGCCGCGGCC 1200  
TCTGCTACAA ATAGTGGTAT CTATTCTGAAT AGTCGTATCT TATTCGGACT GTCACAACAA 1260  
5 GGGTTAGGTC CTAAAGTTTT AAATAAAACG AATAGTCATG GCGTGCCTTA TTTATCAATG 1320  
TTAGTTTCAT CAATTGCATT ACTTATAGCA GCCTTGTTAA ACTACATTTT CCCTAATGCA 1380  
ATTCAACTAT TCATATACGT TACAACGTTA tCAACTGTGT TGTTTTTAGT TGTtTGGGCA 1440  
10 ATGATnATTG TCGCTTATCh AATGTATTTG GAAAAAGCAT CCTGAGGCA 1489

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 241:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5000 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 241:

TTTTCCATCA TrATcACCAT TTAAGACAAT AGCTGTATGA CCATATCCTC CACCAAATCT 60  
25 TCCACTAAAA ACCACTAAGT CCCCAGGTTT AGCTTTGAAA GTTGGTGTGT TGTGATAAAT 120  
TTTAGCTTCA CTATTAAAAT TATTTGCATA TGGTATATCT TTAGCTCCAT ATCCTTTtAA 180  
TCCAkGACCA TAAAGAkGAT TCCAATATAC ATTAACTAAA TCGAAACATT GCCATCCATA 240  
30 ACTACCGTCG AAATCCCATC CTCTATTCTC TAATGTTTTT AAATAATTTA ATGTACTGCT 300  
ATTACTATTA CTTTTATTAT TTGAAGACAC TGTTTTTGGT TTTGGTTCTA CTAATGGTGT 360  
CATTGGCACT TTTAATTTTT GACCAATAAA TATTAAATTA GGATTTGCTA TATTATTTGT 420  
35 ATTTTGAATA TTTGAAACTG TAGTTTTGTA TTTTAATGCT ATAGCACTAA GTGTGTCTCC 480  
TTTTTtTACA GTATAGATTT GTGTTTTTGG AGCTTCTCTA AACTGTAGT AACCAAAGTA 540  
ATTATtTAGTA ACTTTATTCTG TTTTCTTCTG ATTAGAATTT TGAGCTTCCA AGTTTGCAAT 600  
40 TTTAATTTCT TTAGTAAGTT CATTGTTATT AATAACTAGA TTGTTACCTT GGCTTGAGTT 660  
TTTCGGAGTA TTTGAAATCT TTATATCTTG ATTAAATTCA TTTCCGTTTG AAATTGCTGA 720  
TTTGTTGTCT AACTTTAAAC TTGTGTCCGA TGTTTTAACA GCACCTTCAT TTTTtATTTT 780  
45 GTCTTTTGTG GTATTTTTAT TAGCATTTAA CTCTGATTTT CGGAATACAT TTTGCTCATA 840  
CCCTCTTGTA AAATCTTTAG ATTTATCAAT TTCATCTGCA TATGCTTTGT TCGACATACC 900  
50 CAATGCCAAA AACATACCTA TTGAAATTGA CAAATTTCCA ATACTAACTT TTCTAATTGA 960  
ATAGCGTACT TTACTTTGTT GTTTATTCAT GATGAAACAC TCCTTACAAT AATATACAAA 1020

ACATTAGGTG CCATGGGCTT ACCGGCACAA GGTTTAGCAT TAATTATTGG TGTGACCGT 1140  
 ATCTTAGATA TGGTACGTAC ATGTGTAAAC GTTATTGGTA ATGCATTATC AACAATCGTT 1200  
 5 ATAGCTAAAT GGGAAAACGT ATATGACAAA GCAAAAGGTC AAGAATATTT AAAATCAATT 1260  
 TAAAAAATAC TATCTGACAT TTAAGnCCC TTACAACCTT TGGTTgThAG GGCTnTTTTA 1320  
 TGTCATGCGT CTAAAGCCA GGCCGTATAn CGGTAAGCGT A 1361

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 240:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1489 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 240:

TCAATATGTA AATCGGCGAT TGTCCCTATC tTCATACCCT TACCTTCTTT ACTCAAATTA 60  
 AAATGTTATT TATTATGCCA TaGCTTATCT AATATATATA GTTAACTGCT TCATTTAGAT 120  
 25 GATTATTTTA TATTTTGTCA TAAAACTTA TATCTTTTCA AAAAAATCGA TAAGTTTTAG 180  
 TTATCATACC CTTACCTATC AAATGTTTTT TCTTATATTT AAAAAATAA TTGCTTTATT 240  
 AAATGGATTT CTTTAGTATT TATAATTAAG AAAACGCTTA CACACAACCT TTTTATTTGC 300  
 30 TTTATCCTGA GGAGGAAAAT TATGGCAAGA AAATTGCATA GAGAGTTGAA TAACAGACAC 360  
 ATCCAATTAA TAGCAATTGG GGGCGCAATT GGAAGTGGT TATTCCTAGG ATCAGGTCAA 420  
 ACAATATCTT TAACTGGTCC ATCACTGTTA TTCACATACA TGATTATTGG GGTGTACTA 480  
 35 TTCGCTTTTA TCGCGCATT AGGCGAATTG TTGTTGAGCA ATACAAGATT TAATTCATTT 540  
 GTTGATATTG CAAATGAATA TTAGGCCCT TTTGGTGGCT TTGTCATTGG CTGGACTTAC 600  
 TGGTTATGTT GGATTGTATC AAGTATGTCA GACCTAACTG CGATGGGACA ATACTTTGCA 660  
 40 TTTTGGTATC CACAAGTCCC AAATTGGATT ACCGTGCTAT TTATTGTTTT AATCTTGATT 720  
 AGCTTCAACT TATTAGGTGC CAGATTATTT GGTGAACTGG AGTTTGGTT CTCGATTATT 780  
 AAAGTTGTCA CAATTATTGC GATGGTTATC GTTGGTCTTG TATTAATCTT TTTCTCATTT 840  
 45 AAAACACATT ATGGACATGC ATCATTACA AACTTAATCA GTCACGGTGG CATGTTCCCT 900  
 GGTGGAaCAT TTGGTTTCTT AATGTCATTC CAAATTGCTG TATATTCATT CATGGTATT 960  
 50 GAACTTATAG GTGTAACTGC TGGTGAAaCG AAAGATCCTG AAAAAACCTT ACCGAAAGCA 1020  
 ATTAATAATG TACCTATCCG TATTTTATTA TTCTATATCG GTGGTCTATT AGTAATTATG 1080

ATATAATAAC CATGACAAAA TTAGAGATTT TATAATCATT GAAGCATATA TGtntCGTTT 3480  
 TAAGAAAAAA GTCAAGCCTG AAGTCGATAT GACTATAAAA GAATTTATAT TACTGACTTA 3540  
 5 TTTATTTTCAT CAGCAAGAAA ACACACTTCC ATTTAAGAAG ATTGTTTCAG ATTTATGTTA 3600  
 TAAACAATCG GATTTAGTAC AGCATATAAA AGTACTTGTG AAACATTTCAT ATATTAGTAA 3660  
 AGTTCGAAGT AAAATTGATG AGCGTAATAC TTACATTTCA ATATCTGAAG AACAAChAGA 3720  
 10 nAAAATTGCA GAACnTGTTA CATTGTTTGA TCAAATCATT AAACAATTTA ACCTT 3775

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 239:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1361 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 239:

AGAAAAATTA GCCTACCTAT GCAAGTTGTT ATTGCATTAG TGTTAGGTGT TGTCGTAGGA 60  
 25 CTTTTATTAT ATGGACAAGA AAACGTAGCA AATTACATTA AACCATTGTTG TGACGTATTT 120  
 TTAAATTTAA TTAAATGAT CGTTATACCA GTTGTTATTTT GCTCACTAGC GCTTTCTATT 180  
 TCGAACGTTG GGGAAATCGAA AACTGTAGGG CGTTATGGCT GGaAAACAAT TTTATACTTT 240  
 30 GAAATTATTA CAACAATCGC AATAGGTTTA GGGATTATCT TCGGTAACCT ATTTAAACCA 300  
 GGTGCTGGAT TAGACCCAAC AAAATTACCT AAAGGTGATA TTTCTAAATA TCAATCAACT 360  
 GCACATGCAG CAGAACAATC TACATATGGa AATCATTTTA TTGATACCAT TGTACATATT 420  
 35 ATTCCGACAA ACTTTTTTTGA AGCTTTAAAT AAGGGTGAAT TATTACCTAT TATCTTCTTC 480  
 GCAGTATTCT TTGGATTAGG ATTAGCTGCT GTAGGTAAAA AAGCAGAACC AGTTAAAGAA 540  
 TTTTAAAGCG GATCGCTTGA AGCTGTGTTT TGGATGATTA ATAAAATTTT AAAATTAGCA 600  
 40 CCACTTGGAG TGTTTGCATT CATTGTACT ACAATTATTA CATTGGTGC ATCCGCATTA 660  
 TTACCACTAT TAAAATTAGT ATTAGTTGTT GTCTTTGCAA TGGTGTCTT TGTATTGCT 720  
 ATACTAGGAC TAGTTGCATG GATGTGTGGT ATTAATATCA TGAATATTAT TAGAATCTTG 780  
 45 AAAAGTGAAT TGCTTTTAGC ATTTTCTACA TCAAGTTCGG AAGCTGTACT TCCTGTAATG 840  
 ATGAAGAAAA TGGAAAACCT CGGTTCTCCA AAAGAAATTA CTTCTTTTGT TATACCAATT 900  
 50 GGTTATACGT TTAACCTAGA TGGATCAGCA CTTTATCAAT CTATTGCAGC ATTATTGCTT 960  
 GCACAGATGT ATGGAATGCA CTTAACATTA TCAGAGCAAA TTGTGTTGAT GTTAACATTA 1020

	AATATTTGGG ATATCCCATG GATTATTCCG CTTGTATTGA TACTTATTTT AATTGCATTT	1680
	AGCATGGCTG CACACATCAA CATCTTGATG ACAAGTGACG ACATTGCAAC CGGCCTCGGT	1740
5	CAAAACATAA AATTAATCAA ATGGATGATT ATTATGCTCA TCAGTATGTT AGCCGGTATT	1800
	TCGGTAGCCG TAGCTGGATC AATCGTCTTT GTGGGTCTTA TCGTACCGAA TATTAGCAAA	1860
10	CGATTATTAC CACCAAATA TAAGTATTTA ATTCCTTTTA CTGCATTAGC TGGAGCAATC	1920
	CTAATGATCA TTTCAGACAT TGTTGCTCGT ATAATAATT AAGCCACTAGA GTTGCCATATC	1980
	GGTGTCTGTTA CCGCTGTCAT TGGCGCTATT GTCTTAATCT ATATTATGAA GAAAGGACGT	2040
15	CAACGCTTAT GACCGAAAAG ATTAATAAAA AAGACAATTA CCATCTCATC TTCGCGTTAA	2100
	TCTTTTTAGC CATCGTTTCA GTGGTAAGTA TGATGATTGG TTCAAGCTTT ATACCATTAC	2160
	AACGCGTACT GATGTACTTT ATAAATCCAA ATGACAGTAT GGATCAATTC ACTTTAGAAG	2220
20	TATTACGCTT ACCTCGCATT ACACTTGCGA TTTTAGCAGG TGCCGCACTA GGAATGAGTG	2280
	GTTTAATGTT GCAAAATGTA TTAATAATC CAATTGCCTC ACCTGATATT ATCGGTATCA	2340
	CAGGTGGTGC TAGCTTAAGT GCTGTTGTCT TTATTGCATT TTTCAGCCAT TTAACAATAC	2400
25	ATTTACTTCC ACTATTTGCA GTATTAGGTG GCGCAGTTGC AATGATGATA CTATTAGTGT	2460
	TTCAAACGAA AGGACAAATA CGCCCGACAA CACTCATAAT CATCGGTATT TCGATGCAAA	2520
	CGTTGTTTAT TCGCTTGTC CAAGGATTAC TCATTACAAC GAAGCAATTA TCTGCTGCCA	2580
30	AAGCTTATAC ATGGCTAGTC GGAAGTCTTT ACGGTGCTAC GTTTAAAGAT ACAATCATTT	2640
	TGGGTATGGT TATTTTAGCT GTTGTGCCGT TGTTATTTCT TGTTATACCA AAAATGAAAA	2700
	TATCTATACT TGATGACCCT GTAGCGATTG GCTTAGGCTT ACATGTACAA CGTATGAAAC	2760
35	TAATCCAATT AATCACTTCT ACTATACTCG TATCTATGGC AATCAGTTTA GTAGGTAACA	2820
	TTGGSTTTGT CGGTTTAATC GCACCACATA TCGCGAAAAC AATCGTTTCGC GGAAGTTATG	2880
	CTAAAAAGTT ACTAATGTCA GCAATGATTG GTGCCATATC AATTGTTATT GCAGACTTAA	2940
40	TTGGGCGTAC CTTATTCTTG CCTAAAGAAG TGCCAGCAGG TGTATTTATT GCTGCTTTTG	3000
	GTGCCCCATT CTTATATAC TTATTATTAA CCGTGAAAAA GTTATAACGA TATTATTAAA	3060
45	ACAAAATGAC CTCACAACGA AGTTAGCTAA ATGATTCACT TAACTAACCG TTGCGAGGTT	3120
	TTTTTATACA TATAGTTGTT GTTATTGTTA ACAAGCGTCG ACTTTCTTAA TTACATATTA	3180
	ATACTTTATA TACAAATAAC ACCGACTCAT ATTCTATAAT ATCAATCAAT ATTCTTCGAT	3240
50	TTTTCAAATA TCGATAACTA TTTCTTATTT AAATATAGTG TTTGATAATG TCATTTATTC	3300
	AAAAACACAA ATTTTAATAA AAATATCATA TTATTTTAA TTGTAAATTA TGGATTATTT	3360

55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 238:

	TGATAATGAT TCTCATTGTC ATACATCACG AAGGAGGCTA ATTAGTCAAT GAATAAAGTA	60
10	ATTAAAATGC TTGTTGTTAC GCTTGCTTTC CTACTTGTTT TAGCAGGATG TAGTGCGAAT	120
	TCAAATAAAC AATCATCTGA TAACAAAGAT AAGGAAACAA CTTCAATTAA ACATGCAATG	180
	GGTACAACCTG AAATTAAAGG GAAACCAAAG CGTGTTGTTA CGCTATATCA AGGTGCCACT	240
15	GACGTCGCTG TATCTTTAGG TGTTAAACCT GTAGGTGCTG TAGAATCATG GACACAAAAA	300
	CCGAAATTCG AATACATAAA AAATGATTTA AAAGATACTA AGATTGTAGG TCAAGAACCT	360
	GCACCTAACT TAGAGGAAAT CTCTAAATTA AAACCGGACT TAATTGTCGC GTCAAAAGTT	420
20	AGAAATGAAA AAGTTTACGA TCAATTATCT AAAATCGCAC CAACAGTTTC TACTGATACA	480
	GTTTTCAAAT TCAAAGATAC AACTAAGTTA ATGGGGAAAG CTTTAGGGAA AGAAAAAGAA	540
	GCTGAAGATT TACTTAAAAA GTACGATGAT AAAGTAGCTG CATTCCAAAA AGATGCAAAA	600
25	GCAAAGTATA AAGATGCATG GCCATTGAAA GCTTCAGTTG TTAACCTCCG TGCTGATCAT	660
	ACAAGAATTT ATGCTGGTGG ATATGCTGGT GAAATCTTAA ATGATTTAGG ATTCAAACGT	720
	AATAAAGACT TACAAAAACA AGTTGATAAT GGTAAGATA TTATCCAAC TACATCTAAA	780
30	GAAAGCATT CATTAAATGAA CGCTGATCAT ATTTTGTAG TAAAATCAGA TCCAAATGCG	840
	AAAGATGCTG CATTAGTTAA AAAGACTGAA AGCGAATGGA CTTCAAGTAA AGAGTGGAAG	900
35	AATTTAGACG CaGTTAAAAA CAACCAAGTA TCTGATGATT TAGATGAAAT CACTTGGAAC	960
	TTAGCTGGCG GATATAAATC TTCATTAAAA CTTATTGACG ATTTATATGA AAAGTTAAAT	1020
	ATTGAAAAAC AATCAAAATA ATTAAGGAGT TTTACGATGC TACTTAAACC AAAATACCAA	1080
40	ATCGTTATTG CTGGTTTATG TCTTGCAATA GTAGCTATCT TAAGTTTAAT GATTGGAAAT	1140
	ACGCTTGTTG CACCAGGTAC GGTGATACAG GCGTTATTCA ACTTTGATAG TGAAAACGAT	1200
	TTACATGATG TTGTCACTGG TGCACGGGCG TCGAGAACAA TCATTGCGTT ATTGACTGGT	1260
45	GCTGCCCTTG CTGTCTCAGG TTTGTTGATG CAAGCACTTA CACGAAACCC AATAGCCTCA	1320
	CCAGGGCTTT TCGGTGTCAA TGCAGGCGCA GTATTTTTTG TCATTTTTAG TATTACATTT	1380
	ATCCAAATTC AATCTTTTAA AATGATTGTA GTTATTGCAT TTTTGGGGGC TATTGTTGTT	1440
50	ACTGTATTAG TTGTTGCACT AGGTATGTTT AGACAAACAC TATTCTCACC TCACCGTGTC	1500
	ATTTTGGCAG GTGCTGCGAT TGCATGCTA TTTACAGCCT TTAACAAGG CATACTTATT	1560

	AAAGATATTC ATGTAGATTG CGACAATGAC ACTATTTTAA TTGATGTCAT ACCAAATGGA	4800
	CCAACATGTC ATACAGGCAG TCAAAGTTGT TTCAACACAG AAGTTCCATT TTCAGTGCAA	4860
5	ACATTAGCGC AGACAGTTCA AGATAGTGCC CAATCCAATA ATGAAAAGTC ATATACAAAA	4920
	TATTTATTAA CAGAAGGTAT AGAAAAGATT ACAAAAAAAT ACGGTGAAGA AGCTTTTGAA	4980
	GTCGTAATTG AAGCAATTAA AGGTGACAAA AAAGCATTTG TAAGTGAAGT AGCAGATGAA	5040
10	CTTTATCATT TATTTGTCTT GATGCATGCG CTGGCGTCG ATTTTTCAGA AATTGAGGCG	5100
	GAATTAGCGC GTAGACATCA TAAGCGCAAT AACTTTAAAG GTGAACGACA AAATATCGAA	5160
	CAGTGGTAAA GCAAGTATGG ACTAAGATAT AAGGAAAAGG ATCATGGCTT ATACACTTAC	5220
15	AAATATTGTG GAAAACGTGA CATTTTCAAG TTTAAATAC GACACCAACA TATTTTAACT	5280
	ATGAATGCTG TGATGGTACT AAAGTTGCGA ACTCGTTATA GATAAGTAGT GGATAATCAC	5340
20	AATACGAAAT CAAAAATAAT TATAAAAAGT AAATTGAGCA ACTCAGGAAT AGATGTCACT	5400
	GTTAAAGATG TCGAAAAGTA TATGAATCGA TATAATGAAG TTATGAAGGG AAAAAATGGC	5460
	GAAAAAGCTA AAGAGTTATG TTTGTCTGTA CTACCTATTA ATATCATAGT TGTCTTTACA	5520
25	TTCTTTGTAT TTATACTATA AATACAAATA TATCTAGCCT GAAATAGAAA TGTCATAGCC	5580
	TATTTAAAAG ACAATCTCCA TTAGAACTAA GATATGCATC CCGAAAGTTA GACTAAAAAA	5640
	CTAACTTTAT GGGATGTATT TTTATGCTAA TCATCATAAA TTCGAGATTA AGTTAAAGGT	5700
30	AGTTCAAGAG TAATTAAACA ATAAATWAAA AATAGTAGGA TACTTACTTT GAGGGAAGAA	5760
	AATTAACTGT ATATATTTAG TTTAGGAACA AGTATTACGG TTTATCCTGA TACAATTATT	5820
	GTGGATGGGA TGATATTTTT AGGTTTAAAA TACGACACCA GCAAACATAA TAACTGTAAT	5880
35	AGCTCATAAA TCTCCCCATA TAGCTAATCT AAAAAAATAA TACATCATTG GAATTAAGCC	5940
	CCAAGCATGT AAATATTAAA AATCAAAAmA GATATmTGTA AAAaAGTTAC AATTtGCATA	6000
40	ATTAAATTGT GTCTAATTAT TGACTAATTA AATTTTGCCA AATATAATAT TAATTAATAA	6060
	TTTGaAATGA TTAGCGTATA CACTTTAAAT TCTCTTTGGA GAATATATTT TTAAATACA	6120
	AATGTAAACG CTTTCTCGTC AAATTAAACA ATAGAAAGGA TGGTCATTAT GAGTGCTTGG	6180
45	TTAAGTAAAT TATTTGAGTT TATTCCTCGA ATAATTATCA ATTTGTTTAT CTAAAATAAA	6240
	AAAATAGAGG TGCTGACAAT GATGAAAAGT CAAAATAAGT ATAGTATTCG TAAATTTAGT	6300
	GTAGGTGCAT CTTCCATTTT AATAGCTACA TTACTATTTT TAAGTG	6346

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 238:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3775 base pairs

55

	AATTGCATAT GCGCAGTATG GGGCTGATAT TCCGGCAATT GTTCAATTTA ACAATTATAT	3000
	TGGTATTCAA TTCCATCCTG AAAAAAGCGG TACATATGGG TTACAAATTT TCGGTCAGGC	3060
5	AATACAAGGG GGATTTATAA ATGATTGAAT TATGGCCAGC GATTGATTTG ATTGGGTCAA	3120
	CAAGTGTGAG GTTAACAGAG GGTAAATATG ATAGTGAAGA AAAAATGTCA CGCTCGGCTG	3180
	AAGAAAGTAT TGCTTACTAT AGTCAATTTG AATGTGTGAA TCGTATTCAT ATCGTCGACT	3240
10	TGATAGGTGC TAAGGCACAG CATGCCCGAG AGTTTGATTA TATTAAGTCA TTGAGGAGAT	3300
	TAACAACCAA AGATATTGAA GTAGGTGGTG GCATTGCTAC GAAGTCACAA ATCATGGACT	3360
	ACTTTGCCGC AGGGATTAAT TATTGCATAG TTGGAACGAA AGGTATTCAA GATACTGATT	3420
15	GGCTTAAAGA GATGGCACAT ACATTTCCAG GTCGCATTTA TTTATCTGTT GATGCCATG	3480
	GAGAAGATAT TAAAGTGAAC GGATGGGAAG AGGACACAGA GTTAAATTTA TTTAGTTTTG	3540
20	TGAGACGGTT ATCGGATATA CCTCTTGGCG GCATTATATA TACTGATATT GCTAAAGATG	3600
	GCAAAATGTC CGGACCTAAC TTTGAATTAA CTGGTCAATT AGTAAAGGCA ACGACGATTC	3660
	CTGTCATTGC TTCCGGTGGT ATTAGACATC AGCAAGATAT TCAACGATTA GCGTCGCTAA	3720
25	ATGTTACACG TGCTATTATA GGAAAGGCTG CACATCAAGC ATCTTTTTTG GAGGGGCTAA	3780
	AATGATTAAA AAACGTATCA TTCCATGTTT AGATGTCAAA GATGGTCGTG TCGTTAAAGG	3840
	GATTCAATTT AAAGGATTAA GGGATATTGG GAATCCTGTT GATTTAGCAA TGTATTACAA	3900
30	TGAAGCGGGT GCTGATGAAT TAGTATTTTT AGACATCTCT AAGACGGAAG AGGGTCATAG	3960
	CTTAATGCTA GAAGTGATTG AACAGACAGC GTCACGCTTG TTTATCCCTC TTACTGTAGG	4020
	GGGTGGGATT CAAAGTCTCG ATGATATTAC CCAATGCTA AATCATGGTG CAGATAAAGT	4080
35	ATCATTAAT TCAAGTGCTT TAAAAAATCC ACAGCTCATT AAACAAGCGA GTGATAAATT	4140
	CGGTAGACAA TGCATCTGCA TAGCAATTGA TAGCTATTAT GATCCTGAAA GAAAAGCACA	4200
	TTATTGTTGT ACGACTGGTG GTAAAAAAT GACAAATATT AAAGTATATG ACTGGGTACA	4260
40	GCAAGTAGAA CAGTTAGGTG CAGGTGAGCT CCTCGTTACA AGTATGGGAC ATGATGGTAT	4320
	GAAACAAGGC TTTGATATTG AACACCTAGC AAATATTAAG TCTCTTGTA ATATTCCAAT	4380
45	CATTGCTTCT GGTGGTGGTG GCAATGCACA ACACTTTGTA GAATTATTTG ATCAGACGGA	4440
	TGTTTCTGCA GGTTTAGCTG CAAGTATATT ACATGATCGA GAAACGACGG TTCAATCTAT	4500
	TAAAGAAGTG ATACGGCAAG GGGGTATAGC AGTAAGATGA CCAAATATAA AATTGATTTT	4560
50	AGCAAAGGTT TAGTGCCAGC AATTTTACAA GATAATCAAA CAAAACAAGT ATTGATGTTG	4620
	GGTTATATGA ACCAAGAAGC TTTTGATAAA ACGATAGAAG ATGGTGTGGT ATGTTTCTAT	4680

55



	GATTCAAAAG TTAATGCTGA TCATGCCAGA AGGTCCGGCA TTAACGCTAA ATCCTGATTT	1200
	TTTTATGTAT CAAGCATATG CGGCACAAGT AAATCGTGAA ATTGCATTTG TAGATGCAGG	1260
5	ATCAGATTTA ACGTTTGATT TGGAAACCAT TTAAACGAAA ATCGATGAAG TACAACCATC	1320
	ATTTTTTATT ATGAGTAATC CACATAACCC TTCAGGCAAG CAATTTGATA CGGCATTTTT	1380
10	AACAGCTATT GCAGATAAGA TGAAAGCATT AAACGGATAC TTTGTCATTG ATGAAGCATA	1440
	TTTAGATTAT GGTACGGCAT ATGACGTGGA ACTGGCACCA CACATCTTAA GAATGCGTAC	1500
	ATTATCAAAG GCGTTTGGA TTGCCGGCTT AAGATTAGGT GTCTTAATTA GTACTGCTGG	1560
15	AACGATAAAG CATATTCAA AAATAGAACA TCCATATCCA TTAAATGTAT TTACGCTAAA	1620
	TATTGCGACT TATATTTTTA GACATAGAGA AGAGACAAGA CAATTTTTTAA CGATGCAACG	1680
	ACAGTTAGCT GAGCAGTTAA AACAAATATT TGATACACAT GTTGACAGATA AAATGTCAGT	1740
20	GTTCCCATCA AATGCTAATT TTGTACTTAC TAAAGGCTCA GCAGCGCAAC AATTAGGACA	1800
	ATACGTATAT GAACAAGGAT TTAAACCTCG CTTTTATGAT GAGCCGGTGA TGAAGGGCTA	1860
	TGTAAGATAC TCAATTGCAA CAGCATCACA GTTAAAGCAA TTAGAAGAAA TTGTTAAAGA	1920
25	ATGGAGTGCA AAATATGATT TATCAAAAAC AACGAAACAC AGCTGAAACG CAACTAAATA	1980
	TTTCAATATC TGATGATCAG TCACCATCGC ATATTAATAC AGGTGTGGGC TTTTAAATC	2040
	ATATGTTAAC CTTGTTTACA TTTCATAGCG GTCTGTCATT AAACATTGAG GCACAAGGTG	2100
30	ATATTGACGT AGATGATCAC CACGTAACGT AAGATATCGG CATTGTCATT GGCCAATTGT	2160
	TACTTGAAAT GATTAAAGAT AAAAAGCATT TCGTTCGTTA TGGAACGATG TACATCCAA	2220
	TGGATGAAAC ATTAGCACGT GTCGTTGTGG ATATAAGTGG GCGCCCATAC CTATCATTC	2280
35	ATGCATCATT AAGTAAAGAA AAAGTTGGTA CGTTTGATAC GGAGTTAGTA GAAGAATTTT	2340
	TTAGAGCGGT CGTAATCAAT GCAAGATTAA CAACGCATAT TGATTTAATT CGTGGAGGTA	2400
40	ATACACACCA TGAAATTGAA GCTATATTCA AAGCGTTTTT CCGTGCATTA GGCATAGCGC	2460
	TAACTGCAAC TGATGATCAG CGTGTGCCGT CATCGAAAGG TGTGATTGAA TGATTGTCAT	2520
	CGTTGATTAT GGATTAGGGA ATATTAGTAA TGTA AACGC GCTATTGAAC ATTTAGGGTA	2580
45	TGAGGTGGTT GTCTCAAATA CCTCAAAAAT AATCGATCAA GCAGAAACAA TCATATTGCC	2640
	CGGTGTCGGC CATTTTAAAG ATGCGATGTC AGAGATAAAA CGATTAAATC TCAATGCAAT	2700
	ATTGGCTAAG AATACTGATA AGAAGATGAT TGGTATTTGT TTAGGCATGC AATTAATGTA	2760
50	TGAGCATAGT GATGAAGGCG ATGCATCTGG ATTAGGGTTT ATCCCAGGAA ATATTTGCGC	2820
	TATCCAAACA GAATACCCAG TGCCACACTT AGGCTGGAAT AATTTAGTGA GTAAGCACCC	2880

55

	TCCAATGCTT GTTGGCGATA TGGCATATGA TGGAATTGCA CACGATCCTT TGTCAATACA	7260
	CCTAGCGGAC CATGATTGG ACTTTGAAAT GTGTTTGTAT TAGACGTATG TGTTTTGGTA	7320
5	ACATTACGCG CCGTATGAAT TTCATCATT AaTACAACCA TCACGCCTTT ATGACGGGCC	7380
	TTTTCATCAG AGGCAACGCG AATAGCGGAA ATATAATTAT ATAATCCGTC AGAACCAATT	7440
	TCATTAGACG AGCGCATTGG CCAAGAAhTA ACAACAGGTT G	7481

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 237:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6346 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 237:

20	ATGAATTATA CCTTCCACTA GAAGTGTGG TATTTATGTG CCTGGTGGTA AAGCAAGTTA	60
	TCCTTCAACG GTATTAATGA CAGCGACGTT AGCACAAGTA GCAGGTGTGG AAAATATTGT	120
25	CGTTGTGACA CCACCTCAAC CTAATGGTGT GTCTCAAGAA GTATTAGCAG CATGCTATAT	180
	TACGCAAGTT GATCAAGTAT TTCAAGTTGG TGGTGCTCAA AGTATTGCTG CGTTAACTTA	240
	TGGCACAGAA ACGATACCTA AAGTTGATAA GATTGTAGGT CCAGGCAATC AATTTGTTGC	300
30	ATATGCCAAG AAATATTTAT TTGGACAAGT AGGTATTGAC CAAATAGCTG GACCAACAGA	360
	AATAGCACTT ATTATTGATG AAACAGCAGA TTTAGATGCC ATCGTATATG ATGTTTTTGC	420
	ACAAGCAGAA CATGATGAAT TAGCACGTAC ATATGCCATT AGTGAAGATG CGCAAGTCCT	480
35	TAAAGATTTA GAATCACGTA TTGCTAAAGC ATTGCCTAAT GTGGACAGAT ACGACATTGT	540
	TTCTAAAAGT ATCGCTAATC AACACTACCT TATCCATGCT AGTAATTTTG ATGAAGCATG	600
	CCATGTCATG AATACAATCG CGCCTGAACA TCGGTCGATT CAAACAGTAA ATCCTCAACC	660
40	ATATATTGAA AAAGTGAAAT ATGTGGGTGC ATTGTTTATT GGACATTATT CGCCAGAGGT	720
	CATAGGAGAT TACGTTGCAG GTCCAAGTCA TGTATTACCT ACAAATAGAA CAGCTAGATT	780
45	TACCAATGGG TTATCGGTCA ATGATTTCTT AACACGGAAC ACGGTCATCC ATTTATCAAA	840
	AGATACGTTT GAACAAATTG CTGATTACAGC ACAACATATT GCTCATGTTG AAGCATTATA	900
	CAATCACCAG CAGTCTATTT TAATACGTCA GTCTTAGGGG AGTGTAATTG AAATGATTTA	960
50	TATTGATAAA AATGAAAGTC CAGTTACGCC GTTGATGAA AAAACAATGA CGTCTATTAT	1020
	TAGTGCAACg CnATATAATT TATATCCTGA TGCAGCATAT GAACAATTCA AGGAAGCTTA	1080

	TAAATTGCGC TTATAAGTAT GTAGCGGTTT TTTCATTTTT CAAAGTTTGT TATTTAACAA	5460
	GGTCTTGTCT CGAATATTGG CATATCAATT TAACTTTTTA AATAGTCATC AAAAAGATAA	5520
5	AACACCACAA TCAACAAATT TAACGAGGAA GAATAAAAAA TAAATCAACA TATTAAATTG	5580
	TAGTGTTATT CAACTCCGTA GCTAACAATT CTCTATTAC ATTAACAAA TTGTCAAAA	5640
10	TATATCATAA ATCTTCAAGC ACAGACTTAG CGCATCAATC ACTGAACTGT TATAATAGTT	5700
	TGGGATTAAA GGAGGCCGAA ACAATGCAA AAGTTGAAAG TATCATAATT GGTGGAGGGC	5760
	CATGCGGATT AAGTGCGGCT ATTGAACAAA AAAGAAAAGG TATTGATACC TTAATTATTG	5820
15	AAAAGGGTAA TGTCGTTGAA TCAATCTACA ATTATCCTAC TCACCAAACA TTTTCTCAT	5880
	CAAGTGATAA ATTAAGTATT GGGcGAgTAC CGTTTATCGT TGAAGAAAGT AAACCAAGAC	5940
	GTAATCAAGC GCTAGTTTAT TACCGAGAAG TTGTAAAACA TCATCAATTA AAAGTAAATG	6000
20	CATTGAAGA AGTATTAAT GTTAAAAAA TGAATAATAA ATTTACTATT ACTACGACGA	6060
	AAGATGTTTA TGAATGTCGA TTTTAAACAA TCGCGACAGG CTATTATGGT CAGCATAATA	6120
	CATTAGAAGT TGAAGGTGCG GATTTACCTA AAGTGTTCCA TTATTTTAA GAGGCACATC	6180
25	CGTATTTTGA TCAAGATGTT GTAATTATCG GTGGTAAGAA TTCGGCTATC GATGCTGCTT	6240
	TGGAGTTGGA AAAAGCTGGT GCTAACGTGA CGGTTCTATA TCGTGGTGGA GATTATTGCG	6300
	CTTCAATTAA ACCGTGGATA CTTCCAAATT TCACAGCATT AGTAAATCAT GAAAAATTG	6360
30	ACATGGAATT TAATGCTAAT GTTACCCAAA TAACTGAAGA TACTGTGACT TATGAAGTAA	6420
	ATGGTGAAAG TAAAACGATA CACAATGATT ATGTATTTGC GATGATTGGT TATCATCCCG	6480
35	ATTATGAATT TTTAAAATCT GTAGGCATTC AAATTAATAC AAATGAATTT GGAACAGCGC	6540
	CTATGTATAA TAAAGAAACA TACGAAACAA ATATCGAAAA TTGCTATATT GCAGGTGTAA	6600
	TTGCTGCAGG GAACGATGCG AATACCATTT TTATTGAAAA TGGTAAATTC CACGGGGGCA	6660
40	TTATTGCTCA AAGCATGCTA GCTAAGAAAC AAACGCCCTT AGAATCATAA AAATAAAGGT	6720
	CTATGTACTA AATAACTTAG TTTTACAACG ACTGACATTC ATGATATGTC AAATGAGGTT	6780
	GATGACTATT GATTGTACAT AGACCTTTTT ATGTTACGTA TTCATTATAA TTCAAAATAT	6840
45	GATTTGATTT CAGCTTTATC TAAATTGTTG CTTAACGCGA CTAATAATTT TAATCTTGCT	6900
	TTTGGACCAT TCAAGCCGTT AGAAAAATA AAACCTTGTT GTGCGAGTTG GTAACCACCA	6960
	CCATCGTATG CGTAAGTTGG ACTCACAATA CCATTAAAGG AACGTGAAAC TAGCACAATA	7020
50	GGTATATTTA AAGATACTAA TTGTTGAATG CTTTCTAATG CGCTTGGAGG TATGTTGCCT	7080
	TGTCCTAACG CTTCAATAAC CATACCATCG ATACCTTCTC GACTATAAAA ACTAAAAATG	7140

55

	ATGTTGTGAC AATGATTCTA ATATAACTGA TATCGCAATT TTAAATAAGA AGAAGGTAAT	3660
	TAGAAGTATT GGATTTGATG AAAAGTTGCA AAATTTATTT CTCAGATAGT ATTACTTTAC	3720
5	TAAAAGAAAA TTGACAAGCT ATAATTAGTG TATACACAAT TGAAAAATGA TTGAAATAAT	3780
	TTTGAAAAAT ATACATAAAC ATATGTCATG TGGGTATATT TTATGTAAAA TCATTGTAAT	3840
	AGAATAGAAA GGAAGATGGC TATGTCTAAT AATTTTAAAG ATGACTTTGA AAAAAATCGT	3900
10	CAATCGATAG ACACAAATTC ACATCAAGAC CATACGGAAG ATGTTGAAAA AGACCAATCA	3960
	GAATTAGAAC ATCAGGATAC AATAGAGAAT ACGGAGCAAC AGTTTCCGCC AAGAAATGCC	4020
15	CAAAGAAGAA AAAGACGCCG TGATTTAGCA ACGAATCATA ATAAACAAGT TCACAATGAA	4080
	TCACAAACAT CTGAAGACAA TGTTCAAAAT GAGGCTGGCA CAATAGATGA TCGTCAAGTC	4140
	GAATCATCAC ACAGTACTGA AaGTCAAGAA CCTAGCCATC AAGACAGTAC ACCTCAACAT	4200
20	GAAGAGGAAT ATTATAATAA GAATGCTTTT GCAATGGATA AATCACATCC AGAACCAATC	4260
	GAAGACAATG ATAAACACGA TACTATTAAA AATGCAGAAA ATAACACTGA GCATTCAACA	4320
	GTTTCTGATA AGAGTGAAGC TGAACAATCT CAGCAACCTA AACCATATTT TACAACAGGT	4380
25	GCTAACCAAT CAGAAACATC AAAAAATGAA CATGATAATG ATTCTGTAAA ACAAGATCAA	4440
	GATGAACCTA AAGAACATCA TAATGGTAAA AAAGCAGCAG CTATTGGTGC TGGAACAGCA	4500
	GGTGTTCAG GTGCAGCTGG TGCAATGGCT GCTTCTAAAG CTAAGAAACA TTCAAATGAC	4560
30	GCTCAAAACA AAAGTAATTC TGGCAAGGCG AATAACTCGA CTGAGGATAA AGCGTCTCAA	4620
	GATAAGTCTA AAGATCATCA TAATGGCAAA AAAGGTGCAG CGATCGGTGC TGGAACAGCA	4680
35	GGTTTGGCTG GAGGCGCagC AAGTAAAAGT GCTTCTGCCG CTTCAAAACC ACATGCCTCT	4740
	AATAATGCAA GCCAAAACCA TGATGAACAT GACAATCATG ACAGAGATAA AGAACGTAAA	4800
	AAAGGTGGCA TGGCCAAAAGT ATTGTTACCA TTAATTGCAG CTGTACTAAT TATCGGTGCA	4860
40	TTAGCGATAT TTGGAGGCAT GGCATTAAAC AATCATAATA ATGGTACAAA AGAAAATAAA	4920
	ATCGCGAATA CAAATAAAAA TAATGCTGAT GAAAGTAAAG ACAAAGACAC ATCTAAAGAC	4980
	GCTTCTAAAG ATAAATCAAA ATCTACAGAC AGTGATAAAT CAAAAGAGGA TCAAGACAAA	5040
45	GCGACTAAAG ATGAATCTGA TAATGATCAA AACAACGCTA ATCAAGCGAA CAATCAAGCA	5100
	CAAAATAATC AAAATCAACA ACAAGCTAAT CAAAATCAAC AACAGCAACA ACAACGTCAA	5160
	GGTGGTGGCC AAAGACATAC AGTGAATGGT CAAGAAACT TATACCGTAT CGCAATTCAA	5220
50	TACTACGGTT CAGGTTCCACC GGAAAATGTT GAAAAATTA GACGTGCCAA TGGTTTAAGT	5280
	GGTAACAATA TTAGAAACGG TCAACAAATC GTTATTCCAT AATATAACTA TATAAATTGT	5340

AATGAACTAC ATAACCTGTT TAAAGCAATA ACTTTAAAAG GGCCATGTGA CTTACATTAT 1860  
 TATTTGCAAG GCTATGATGA ACCAATGTAT ACGAGACAGC AAGTTAGTTT AATAGAAAAG 1920  
 5 CTATCTCAAC AGCAATTGTT TGAATACGAA ATGAATAATT TAGTGACAAT GATGTTTGAA 1980  
 TTAGAAAGTG GAGAATATAC TATTTTATCA AAAATAATAA TGAAACCTAC ATTATTAAAT 2040  
 10 CAAACTTATA TTACTTATAC AAAATTGCTT GAACAATTCA CGATGGAAGA TATAGCGGCT 2100  
 CAACAACAAG TTAAAATCAA TACTATCGAA GATCATGTAC TTGAAATCTT AATCAAAGGT 2160  
 TACATGTCTA ATTACGATGA TTATGTTGAA CTAGAAGATC AACTCCAGTT TTTGAATTTT 2220  
 15 TATCAACAGC ATCGTGGCGA ACGATTAAAA TTTTACAAAG AACAATTGTA CACGTTATCA 2280  
 TATTTTCAAT TAAAAGTATT AATCGTTGGA TTTGAAAGAG GTGATCTGAA TGTGTCATGA 2340  
 TATTTTACGA AACAAATTTG GATTGAGAG TTTTAAACCG GGACAACAGG AAATTATAGA 2400  
 20 AAGTATAATG TCTCAACAAC AACTCTAGG TATACTTCCA ACTGGAAGTG GAAAGAGTTT 2460  
 GTGTTATCAA ATACCTACGT ATTTATCAGG TAAGCCGACA TTAATTATCT CACCGTTAAT 2520  
 ATCTTTAATG GATGACCAAG TTATGCAGTT GAAAATAAAT GGAGAAAAAC GTGTAACATG 2580  
 25 TATTCACTCT GGTATGGATG AAATTGAGAA AAAGCATAAT ATTAAATGTT TACGACATAG 2640  
 CCGCTTCATC TTTCTAAGTC CAGAATTTCT CCTGCAACCG TCAAATTTTA AATTAATATC 2700  
 TATGATAGAC TTTGGCATGA TTGTTCTAGA TGAAGCACAT TGCCTATCTG AATGGGGATA 2760  
 30 TGATTTGAGA CCACATTATG CTCTAATAGG AAAAGTAACA AAGCATTTTA AAGAAGCGGT 2820  
 TGTCTTAGCA TTGACAGCAA CTGCACCACC GCATTTACAA GATGATTTGA CGGAAATGTT 2880  
 AGCGATTCAA TTCAATGTGA TTAAAACCTAC AATGAATCGC CCAAATATAA GCTTTAAGCA 2940  
 35 TCTTAATTTT CATGATGATG AAGATAAAAT TGAATGGTTG CTGCCGTTTC TACAACAGTC 3000  
 GGGAGCAACG ATTATTTATG TCTCATCGAA AAAGATGTGT CTGAATTTAG CGCAACTTAT 3060  
 40 TTATGATTCA GGTTTTCTTA CAGGTATTTA TCATGGTGAT ATGAATTATC AAGAGCGACA 3120  
 CACAGTTCAA CAACAATTTT TAAATAATGA TATTCCGATT ATAGTCGCAA CGAGTGCTTT 3180  
 TGGTATGGGA ATTAATAAAA AAGATATTCG CACAATCATT CACTTTCATC TTTCAACAAG 3240  
 45 TCCTTCTAAC TACATTCAAG AAATTGGCCG TGCGGGTCGC GATGGTGAAC TAAGTCAGGC 3300  
 AATTAGTTTA TTCCAACCGG ACGATAAATA TATTTTAGAA ACGTTATTAT TTGCAGATAT 3360  
 GATAACAGAA GAAGATGTAC AAAATTTCTGA AATAGGAGAA TTTTGTAGCTC CCGATAAACA 3420  
 50 AGCCGTTTTG ACAACGTTGc AATCATTCTA TAGTATCGGC GCCTTGaAAC AGATATTTAA 3480  
 GCAATCATTT AAACGAAAGC AATTAGGATT CTTTCGCATG ATTGGCTATT GCAAATTGGA 3540

55

	TGAGTGATAG	AATCAAAAAA	GCCATCTCAA	AAATTAATCA	AGCAAACAAC	ATTCCAAACA	60
	ATGsTCGCAA	ATCACCAATG	TATCACTCTC	CAATTACGTA	ACTATGATTT	AATTTAAGCA	120
5	TAGTTATTGA	GGTTTTGTGA	TATATAGTAT	AAAATTAATG	AGAATTAAAT	TTAATAATGT	180
	AAAATTCATm	TTCgGGGTCG	GGTGTAATTC	CCAACCGGCA	GTAAATAAAG	CCTGCGACCT	240
	GCTAGTATGT	ATCATATTAG	TGGCTGATCT	AGTGAGATTC	TAGAGCCGAC	AGTATAGTCT	300
10	GGATGGGAGA	AGATGGAGGT	TTTTTGTTGT	GCAATAATCC	TCCTATTCTT	ACGAGATGAA	360
	TGGAAGGAGA	AAATTGAATA	TGCAACAAAA	TAAACGTCTT	ATCACAATAA	GTATGTTGAG	420
	CGCGATTGCG	TTTGTGTTAA	CTTTTATCAA	GTTTCCTATA	CCATTTTTGC	CACCATACTT	480
15	AACTTTAGAT	TTTAGTGATG	TACCGTCACT	ACTAGCTACA	TTTACGTTTG	GACCAGTTGC	540
	CGGTATCGTA	GTTGCACTGG	TTAAAAATTT	ATTGAACTAC	TTATTTAGTA	TGGGCGATCC	600
20	AGTTGGACCA	TTTGCTAACT	TTTtagcagg	CGCAAGTTTC	TTATTAAC TG	CTTACGCCAT	660
	CTATAAAAAT	AAACGTTCAA	CAAAATCTTT	GATTACTGGA	TTAATCATTG	CAACAATCGT	720
	TATGACTATC	GTGTTGAGTA	TTTTGAACTA	TTTCGTTCTA	TTACCTTTGT	ACGGTATGAT	780
25	ATTTAAC TTA	GCTGATATCG	CAAATAATCT	TAAAGTAATC	ATTGTTTCAG	GAATTATACC	840
	ATTCAATATT	ATTAAAGGTA	TCGTTATTTT	TATTGTATTT	ATTTTACTAT	ATAGAAGGCT	900
	TGCGAATTTT	TTGAAAAGAA	TTTAATCAAA	TTAAAGCAAA	ATAATATACA	CATAATAATA	960
30	AAAAGCAGGT	GACTATCAAT	AAACGATAGC	TTGCCTGCTT	TTTCTATAGA	ACATTTGTCT	1020
	AAAAAATCAA	TTATTCaAAT	TTTAAAGCGT	CCCCATCAAA	TGATTCGTCT	GCAATTTTAA	1080
	TAGAATCTGt	AGGGCATCCa	TCAATTGCAT	CTTCCATATC	TTCATATAAT	TCCTCAGGTA	1140
35	CTTCTGCAGT	ACCTTG GTTA	TCGTCAAGGA	TTACGAAAGC	AATACCTTCG	TCGTGCTAAT	1200
	CATATATATC	TGGCGCTGCT	GCACCGcATG	CACCACATGC	AATACAAGTA	TCCATATCAA	1260
40	CGATTGTATA	TTTTGCCAAT	GTCTTCGCCT	CCTTTGATAA	AAATGCTAAA	ATAGTAATGT	1320
	GACTAAAATT	TTAGACAGCA	TCATTTTTTAT	TTTCAAATTA	TCCGTTTTTAC	AGAGTGAGGG	1380
	TTAAATTTGC	AACACATTAT	AAAAACAGCA	TTACAACAAA	CATTTAACTA	TAAAACAAAT	1440
45	AAAAGTATTT	ACAATATCTT	AGTTGGTAAG	AAATCTCACC	AAACCTTTTTT	TGACGCTTGT	1500
	AGTCAACAAC	AGTTGTCATT	ATATCACAGT	TTACCACTAT	TAAAATATCC	GTCTTTTGAG	1560
	CTATTTTtTAG	AAAAAATCAA	TGAATTTAAT	GCTGAAATGG	AAATCATGTT	GCATCCTAGA	1620
50	TATACATTTG	aAAGCATGGG	GCAAACATTT	CAAGCAATTC	AACTATTAGT	GCAAaCCATG	1680
	TCTAATACCA	AACAACATGT	TTTTCATTTT	GTACCAATCT	CTCAAAATAA	TAAGATACAm	1740

AAAGCGAATT AGATAGAGTA GATAAAAAGC TCTCTAATGA AAACTTTGTA AGTAAAGCAC 2160  
 CTGAAAAGGT TATAAATGAA GAAAAACGTA AAAACAAGA TTATCAAGAA AAATATGATG 2220  
 5 GTGTGAAGGC AAGAATTGAA CAATTAAAAG CATAGGAGTT AGTAACAATG AATTACCTAG 2280  
 AGAGCTTGTA TTGGATACAC GAAAGAACTA AATTTGGCAT CAAACCAGGT GTTAAACGTA 2340  
 10 TGAATGGAT GCTAGCACAA TTTAATAATC CTCAAATAA CATTAGGGT ATTCATGTAG 2400  
 GTGGCACAAA TGGTAAAGGC TCTACAGTTG CTTACCTTAG AACAGCTTTA GTTGAAAATG 2460  
 GTTATGAAGT AGGTACATTT ACGTCGCCGT TTATTGAAAC ATTTAATGAA CGAATTAGTC 2520  
 15 TAAATGGTGT GCCAATATCA AATGACGCTA TTGTAGAATT AGTATCACGT ATTAAACCAG 2580  
 TAAGTGAAAT GATGGAACGT GAAACAGATT TAGGTGTTGC AACTGAATTC GAAATAATCA 2640  
 CAGCGATGAT GTTTTTATAT TTTGGTGAAA TACATCCTGT TGATTTTGTC ATTGTTGAGG 2700  
 20 CTGGATTGGG TATAAGAAGC GATTCGACAA ATGTCTTTAC ACCGGTTTTA TCAATCTTAA 2760  
 CTAGTATCGG TCTAGACCAT ACAGATATTT TAGGTGGTAC TTATCTAGAT ATTGCTAGGG 2820  
 ATAAAGGCGC GATTATAAAG CCTAACGTTT CAGTGATATA TGCTGTTAAA AATGAAGATG 2880  
 25 CATTAAAATA TGTTCTGTAA CGCGCAATTG AACACATGC AAAGCCAATT GAATTAGATA 2940  
 GAGAAATTGT TGTGTATCG CAAAATGATG AATTTACTTA CCGTTATAAA GATTATGAAT 3000  
 TAGAAACAAT CATTTTAAGC ATGTTAGGTG AACATCAGAA ACAAATGCT GCATTAGCCA 3060  
 30 TAACAGCTCT TATTGAATTA AATGAACAAG GATTAATTGA ATTAGATTTT AATAAGATGA 3120  
 TAGACGGTAT TGAATCAGTT CGTTGGACTG GACGTATTGA GCAGGTGCAT GACAAACCTT 3180  
 35 TAATCATTTT GGATGGCGCA CATAATTCAG AGAGTATAGA TGCTCTAATT GATACAATTA 3240  
 AACAGTACCA TGATAAAGAA AAAGTAGATA TTTTGTCTC AGCAATAAAC GGAAAACCGA 3300  
 TTAACGAGAT GGTCAAACAT TTAAGTTTAA TTGCGCATAC GTTTTATGCA ACTGAATTTG 3360  
 40 ATTTTCCGAA AGCGTTACGC AAAGAAGAAA TTGTAGGTAG TATTGAAAAT GATGAAATAC 3420  
 AATTAGTAGA TGAATACGTT GAATTTATAA AAAATTATCA AGGTGATACA TTAGTAATTA 3480  
 CCGGTAGTCT GTATTTTATA AGTGAAGTTA AATCAA 3516

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 236:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 7481 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

50

55

## EP 0 786 519 A2

	TACAGCGATT GTTGTTAACC CTAATGACGA ACGATACAAA GATGTAATCG GTAAAACGTG	360
	TATATTACCA ATCGTAGGAC GCGAACTGCC TATTTTAGCA GATGAGTATG TTGATATAGA	420
5	CTTCGGTTCT GGTGCTATGA AAGTGACACC AGCACATGAC CCTAATGATT TTGAAATTGG	480
	TCAAAGACAT CAATTAGAAA ATATTATCGT TATGGATGAA AATGGTAAAA TGAACGACAA	540
	AGCGGGTAAA TATGAAGGTA TGGACCGTTT TGATTGTCGT AAACAGCTAG TTAAAGATT	600
10	AAAAGAACAA GATTTAGTTA TCAAGATTGA AGATCATGTT CATTCTGTAG GTCATTGAGA	660
	ACGATCTGGC GCTGTTGTTG AACCATATTT ATCAACACAA TGGTTTGTGC GCATGGAAGA	720
	CTTAGCGAAA CGTTCATTAG ATAACCAAAA AACAGATGAT CGTATTGATT TTTATCCGCA	780
15	ACGTTTCGAA CATACTTTA ACCAATGGAT GGAAAATATT AGAGATTGGA CGATTTCAG	840
	ACAATTATGG TGGGGTCATC AAATTCCGGC TTGGTATCAT AAAGAAACAG GCGAAATATA	900
20	TGTTGGAGAA GAAGCGCCAA CTGATATTGA AAATTGGCAA CAAGATGAAG ATGTATTAGA	960
	TACGTGGTTC TCaAGTGCTT TATGGCCTTT CTCyACGTTA GGTTGGCCTG ATTTAGAAAG	1020
	TGAAGACTTT AAACGATACT ACCCAACAAA TGCCTTAGTT ACAGGTTACG ATATTATCTT	1080
25	TTTCTGGGTA GCACGCATGA TATTCCAAGG CTTAGAATTT ACAGATCGTC GTCCATTTAA	1140
	TGATGTATTA TTACACGGTT TAGTTCGTGC TGAAGACGGG CGTAAGATGA GTAAATCATT	1200
	AGGTAATGGT GTGGATCCAA TGGATGTTAT TGACGAATAC GGTGCTGATA GCTTGCGTTA	1260
30	CTTCTTAGCA ACAGGTTTAT CTCCAGGACA TGATTTAAGA TACTCAACTG AAAAAGTTGA	1320
	GTCAGTGTGG AACTTTATCA ATAAAATCTG GAATGGGGCA CGTTTCAGTT TAATGAATAT	1380
	CGGTGAAGAC TTTAAAGTTG AAGATATCGA TTTAAGTGGT AACTTATCAT TAGCAGATAA	1440
35	ATGGATTCTA ACACGTTTAA ATGAAACGAT TGCAACAGTT ACTGATTTAA GTGACAAATA	1500
	TGAATTTCGGC GAAGTTGGAC GTGCATTATA TAATTTTATT TGGGATGATT TCTGTGATTG	1560
40	GTACATTGAA ATGAGTAAAA TTCCAATGAA TAGTAATGAT GAAGAACAAA AACAAGTTAC	1620
	ACGTTTCAGTA TTGAGTTATA CTTTAGACAA TATTATGAGA ATGCTACATC CATTATGCC	1680
	ATTTGTAACA GAGAAAATAT GGCAAAGTTT ACCACATGAA GGTGACACAA TTGTTAAAGC	1740
45	TTTATGGCCA GAAGTGGCTG AATCATTGAT TTTTGAAGAA AGTAAACAAA CAATGCAACA	1800
	ACTTGTTGAA ATCATTAAAT CTGTAAGACA ATCACGTGTA GAAGTAAATA CGCCATTGTC	1860
	TAAAGAAATA CCTATTTTAA TTCAAGCTAA AGATAAAGAA ATTGAAACAA CTTTATCACA	1920
50	AAACAAAGAT TATTTAATCA AATTCTGTAA TCCTAGTACC TTAAATATTA gCtGACGTGG	1980
	AAAWTCCTGA GAAAGCAATG ACaTCAGTTG TAATTGCAGG TAAAGTGGTA TTACCATTAG	2040

55



5 TTCATGGGCC ATTAAATGCT CTTATTAATT ATGATTATGT ACATACTATG CAACAGGCCA 3660  
 TAGACAAGCG TATCTCGAAT CCATACTTGC GACAAATGTT AGGCTATTTT ATCAAATATG 3720  
 10 TAGGTTCTTC ATCATACGAT GCGCCAgCTG TATTATCTAT GTTATTCCAT ATGCAACAAG 3780  
 AGCAAGGCCT TTGGTATGTA GAAGGTGGAA TCCATCATTT AGCCAATGCC TTGGAAAAGc 3840  
 tAGCGCGTGA AGAAGGTGTC ACAATTCATA CAGGTGCACG TGTGGACAAT ATTAAAACAT 3900  
 15 ATCAAAGACG TGTGACGGGT GTCAGATTAG ATACAGGTGA GTTTGTAAAG GCAGATTATA 3960  
 TTATTTCAAA TATGGAAGTC ATACCTACTT ATAAATATTT AATTCACCTT GATACTCAAC 4020  
 GATTAAACAA ATTAGAGAGG GAATTTGAGC CGGCAAGCTC AGGATATGTG ATGCATTTAG 4080  
 20 GTGTTGCTTG CCAATACCCG CAATTAGCAC ATCATAATTT CTTTTTTACG GAAAATGCTT 4140  
 ATCTCAATTA TcAACAAGTT TTTTCATGAAA AGGTATTGCC AGATGATCCG ACCATTTATC 4200  
 TAGTAAATAC GAATAAAACT GATCACACAC AAGCGCCAGT AGGTTATGAA AATATCAAAG 4260  
 TCTTACCACA TATTCCATAT ATTCAAGATC AGCCTTTTAC CACTGAAGAT TATGCGAAGT 4320  
 TTAGGGATAA AATTTTGGAT AAATTAGAAA AAATGGGACT TACTGATTTA AGAAAACACA 4380  
 25 TTATTTATGA AGATGTTTGG ACACCGGAGg ATATTGAAAA AAATTATCGT TCTAATCGTG 4440  
 GTGCAATATA TGGTGTGTA GCAGATAAAA AGAAAAACAA AGGATTTAAA TTTCTTAAAG 4500  
 AAAGTCAGTA TTTTGAAAAC TTGTACTTTG TAGGTGGATC AGTAAATCCT GGTGGTGGCA 4560  
 30 TGCCAATGGT TACATTAAGT GGGCAACAAG TCGCAGcAag ATAAACGCGC GAGAAGCGAA 4620  
 GAATAGGAAG TGATATCTAT GAAATGGTTA TCACGAATAT TAACAGTAAT AGTGACCATG 4680  
 TCTATGGCGT GTGGTGCaTT GATATTTaAT CgTAGACATC A 4721  
 35

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 235:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3516 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 235:

TATTCGTGCG CAATGGGCTA AATTAGGTCT AGGTTTAGAT TATAGTAGAG AACGTTTTAC 60  
 TTTAGATGAA GGTTTAAGTA AAGCAGTTAA AAAAGTTTTT GTTGATTAT ACAATAAAGG 120  
 50 AATTATTTAT CGTGGCGAAC GTATTATAAA TtGGGATCCn AAAGCACGTA CAGCTTTATC 180  
 TGaTATTGAA GTAATACATG AAGATGTTCA AGGTGCGTTT TATCATTTTA AATATCCTTA 240

## EP 0 786 519 A2

	ACAAAATAAC AATGGATATA ATTCTAATGA CGCTCAATCA TACAGCTATA CGTATACAAT	1860
	TGATGCACAA GGTAATTATC ATTACACTTG GACAGGAAAT TGGAAATCCAA GTCAATTAAC	1920
5	GCAAAACAAC ACATACTACT ACAACAATA CAATACTTAT AGTTATAACA ATGCATCTTA	1980
	CAATAACTAC TATAATCATT CATATCAATA CAATACTAT ACAAACAATA GTCAAACAGC	2040
	AACAAATAAC TATTATACTG GTGGTTCAGG TGCAAGTTAT AGCACAACAA GTAATAATGT	2100
10	TCATGTGACT ACAACTGCAG CGCCATCTTC AAATGGTCGT TCAATTTCTA ATGGTTATGC	2160
	ATCAGGAAGT AACTTATATA CTTCAGGACA ATGTACTTAT TATGTATTTG ATCGTGTGG	2220
	TGGGAAAATT GGTTCACAT GGGGTAACGC AAGTAATTGG GctAACGCAG CTGCATCATC	2280
15	TGGCTATACA GTGAACAATA CACCAAAAGT TGGTGCTATC ATGCAAACAA CACAAGGCTA	2340
	TTACGGTCAT GTTGCTTACG TTGAAGGCGT TAACAGCAAC GGTTCTGTTC GTGTTTCAGA	2400
	AATGAACTAT GGACATGGTG CTGGTGTGGT TACGTCTCGT ACAATTTTCTAG CAAACCAAGC	2460
20	AGGTTTCATAT AATTTTCATTC ATTAATCAAA TGTAATCAA ATGACGTCAA TATTCTCTAA	2520
	CATGAGAGTA TTGGCGTTTT TGTTTTATAT AAATATAAAT GAGAGCGGTT TATTTACTGA	2580
25	TCTTTAGGGA ACTAAGTAAT AAAGTGATAA TTTATACTAT GTCAGTATGA TTGAGAGTGA	2640
	TTCAATTTAG ATGAAAACCA TGAAAAATA TATTAAACA GCATTTTTTTT GTAGTATGTA	2700
	TTGGTTAATT GTTCAACTAA ATATAGCAAA TTTAGGTACA AGAATTCCTG ATAAGTATTT	2760
30	TCGTCAGAAG TACATAATAT TTAAATCATT TAACTTTGAG AAGCATGGAA AATTTTGGAA	2820
	CAAATGGTTT TACGTAAGAA AATGGAAACA TAAGATTTTA GATGGTCATC AGCTTAATCA	2880
	AAATATATAT GATCAGCGTC ATTTAATGAC AATCAATACT GATGAAATTG AAAAAATGAT	2940
35	TATAGAGACA AAGAGGGCAG AGTTGATTCA TTGGATATCG ATACTTCCAG TCATCATATT	3000
	CAATAAAGGC CCTCGTTTAG TAAAGTATAT AAATATTTTC TATGCAATGA TAGCTAATGT	3060
	TCCAATCATT ATTGTGCAAC GCTATAATCG ACCGAGATTA ACGCAGTTAC TACGCATATT	3120
40	AAAACGAAGA GGTGAACGTC ATGACTAAAC ATATCATCGT TATTGGTGGT GGCTTAGGTG	3180
	GGATTTCTGC AGCAATTCGA ATGGCACAAA GTGGCTATTC GGTCTCATTATATGAACAAA	3240
45	ATAATCATAT AGGAGGCCAAA GTGAATCGTC ATGAATCAGA TGGCTTTGGC TTTGATTTAG	3300
	GTCCATCTAT TTTAACGATG CCTTATATTT TTGAAAAATT ATTCGAATAT AGCAAGAAGC	3360
	AAATGTCAGA CTACGTTACA ATCAAGCGAT TGCCACATCA ATGGCGTAGC TTTTTTCCAG	3420
50	ATGGAACGAC TATCGATTTG TATGAAGGTA TTAAAGAAAC AGGTCAGCAT AATGCGATAT	3480
	TGTCGAAACA GGATATAGAG GAACTGCAAA ATTATTTGAA TTATACAAGA CGAATCGATC	3540

55

	GCCCATGAGA CAATTTTACT TGCTTTTCCC ATTGGTTATC ACGTTCTTAT TACATAGATT	60
	TAAACCGAGA AATATTATTC AAACGCTATT TATTGTATCG TTGATTTCTT TAGGACTTAT	120
5	GATAGTGATT CATTTTCATCA CTGGAGATAA TTCACGTGTG TATTTTGGGA CAGATACACG	180
	ACTGCAAAC TATTGCTTG GTTGATATATT AGCATTATTT TGGCCTCCGT TTGCTTTGAA	240
	AAAAGATATT TCTAAAAAGA TTGTCGTATC ATTAGATATT ATAGGGATAT CTGGTTTTGC	300
10	GGTTCTAATG ACTTTGTTCT TTATAGTTGG AGACCAAGAT CAATGGATCT ATAATGGAGG	360
	ATTTTACATT ATATCATTTG CAACTTTTATT CATTATTGCA ATTGCGGTAC ATCCTTCTAG	420
	TTTATTTGCT AAATTTTTAA GTATGAAACC TTTACTAATT ATAGGTAAAC GATCATATAG	480
15	CTTATACTTA TGGCATTATC CTATCATTGT TTTTGTGAAC AGTTATTACG TACAAGGACA	540
	AATACCGGTA TACGTTTATA TTATAGAAAT TTTGTTAACA GCGTTAATGG CTGAAATTTT	600
20	GTATCGCTTT ATTGAAACAC CTATACGTAA AAAAGGATTT AAAGCTTTTG CATTTTACC	660
	TAAAAAGAAG GGGCAATTTG CTAGAACAGT GTTAGTTATC CTATTATTGG TTCCGTCTAT	720
	CGTTGTGCTC AGTGGACAGT TTGATGCACT TGGCAAACAA CATGAAGCCG AGAAGAAAGA	780
25	GAAGAAGACG GAATTTAAAA CAACGAAGAA AAAAGTCGTT AAAAAAGATA AGCAAGAGGA	840
	TAAGCAGACA GCGAATAGCA AAGAGGATAT TAAAAAGTCA TCACCACTAT TAATTGGTGA	900
	CTCGGTCATG GTGGATATTG GTAATGTCTT TACTAAGAAA ATACCAAATG CACAAATTGA	960
30	TGGTAAAGTT GGACGGCAAC TCGTTGATGC TACACCAATT GTGAAATCGC AATATAAAGA	1020
	CTATGCTAAA AAAGGTCAAA AAGTTGTAGT AGAGCTTGGT ACAAATGGGG CATTTACGAA	1080
	AGATCAATTA AATGAACTAT TGGATAGTTT TGGAAAAGCA GACATATATT TAGTTTCTAT	1140
35	TAGAGTACCT AGAGATTATG AAGGTAGAAT AAATAAATTA ATTTATGAGG CAGCTGAAAA	1200
	GCGCTCTAAT GTACATCTAG TCGATTGGTA TAAAGCTTCT GCAGGTCATC CGGAATACTT	1260
40	TGCATATGAC GGTATTCCT TAGAATATGC AGGTAGTAAA GCGCTGACTG ATTTGATTGT	1320
	AAAAACGATG GAAACACATG CTACAAATAA GAAATAATTT GATGCACTAA ACTTTTGAAA	1380
	TATTACATTA CTTCTGATAT TTATTATCAA AAATGATGTA TTTCATTAAA AGTTTAGTGC	1440
45	TTTTTTATTT TCAAATCCCA TAGTAACGGT GCAGAAAAAG TGTTGTAAAC ATTCTAATTG	1500
	GTATATTACA TTCAATGAAG CTTTATTAGG AACAGATTAC ATTATGATAA CAAAGCCCGC	1560
	AAGACACCTA ATCTCTGTTA TAGTTTGT TTGTCGAAAA CTATAAAAGT TATAATTGTT	1620
50	TGCATACTAA AAAAATAAAA AATATAAAAT TTAAATAAT TGAGTCGCTA ATGACTATAT	1680
	GTATAGAGTG TTTTGATTAT TGGGAGGATA TTTAATTATG AAAAAATCG TTACAGCTAC	1740

55

TAAGTATAAT GAATAATATT AGAATTCATG CACTAGTTTA TTAAAATAAA GAGTAATTTA 5100  
 AAATATCATT CCGTGTATTA AAGTGAATGG AAATGATTAG TTATTATTTT TAACAGTATC 5160  
 5 TTTTGTGTTCA ATAGCTTCTA ACATTAATTT AGTCATGCTC GCTAAATCAT ATTTAGGATC 5220  
 AAATCCCAT TCGCCACGTG AACAGCTTGT ATCAATAGAA TCCGGCCAAC TATTAGCGAT 5280  
 ACCTTGTCTA ATAGGATCAA CATCGTAATC TAATGTAAAA TTGGGATAGT ATTCTTGAAT 5340  
 10 TGCTTCTTTT ACCATCTCTG GATCAAACT CATTCGCTC AAATTATAAC CATTTCTAGT 5400  
 TTCTAATTTA GCGTCGTCTG CTTCCATAAG TTTAATAATT GCTTCAATTG CATCATCCAT 5460  
 ATACATCATA TCCATATACG TGCCTTTATC TATGAAGCTT GTATAATGAC CCTCTCTTAC 5520  
 15 TGCTTTGAAG TATATTTCAA CAGCATAGTC TGAGTACCG CCACCTGGCT CTTTAACATG 5580  
 CGAGATTAAA CCTGGGAATC TAACACTTCT TGTATCTACA CCAAACGTT TGAAATAGTA 5640  
 20 TTGACACAAT AATTCTCCAG CTACTTTATT TACACCATAC ATTGTCGTAG GTTGCTGAAT 5700  
 CGTTACTTGT GGC GTATTAA CTTTAGGAGT TGAGTCTCCA AATGCACCAA TTGAACTTGG 5760  
 TGTGAAAAAG TGCAATTAT AAGTCTTGC AGCTTCTAAT GCATTCATTA ATCCACCCAT 5820  
 25 ATTTAAATCC CAAGCTAGAA TTGGATTTT CTCAGCAGTT GCTGATAATA ATGCTGCCAT 5880  
 ATGCATTAGA CTATCCGCTT CAAAGTCCCT AACTAACTCA AACATACGGT CACGATCTGT 5940  
 TACGTCTAAG ATTTCAAATG GTCCATTTTG TACAGGTGAG TCTGCTTCAG GTTCCCTAAT 6000  
 30 ATCTGTAGCA AGAACATTAT CTGTCCCATA AATTTCTCTG CACTTAACAA CTAATTCTGT 6060  
 ACCAATTTGT CCTAATGCAC CAGTAATCAT AATTTTTTTC ATAGAAATAT CTCCTTTGtC 6120  
 TCTTCTATAT AGCTATAGTC CATCACAAGC GGaCATAATA TTCATTTTCA TAATAATTAT 6180  
 35 AATATAAAAG CGCTTTCTTG TATATATGAC ATGTACATGT TGCTGATATk TCTGTAAATG 6240  
 GAAATTCTAG TTGTATTAAT TGATTTTAGT AATTTATAGC GTTTATTATT GCTAATTACT 6300  
 GtCAAATTAA ATTTTTTATC CCTCAACTCT TAAACTCTGG ATATCTTTCA TTATATTAGC 6360  
 40 TTTTTTATAA CCATGGATAT CATGTAAAGC CTTATAAGCh TTAAATAATG TTTCATACCT 6420  
 TTGTACTTnT TCCGCTTCTG GATT 6444

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 234:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4721 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## EP 0 786 519 A2

	GTATCTTGTC	CCGTCACATC	ATTAAATGCC	TGGATAATTT	GTTGTAAAGA	TCCTGAACCC	3300
	ATCACTGATT	TTGGATCAAT	AGATTCTTTA	ATGACACCGA	GTTGTCTTAA	AGCAGCTTCT	3360
5	TTATTATGTA	CTGGGAAAGT	CTCAAGCAAT	GATTGTACAA	ATCGTACCCC	TATTTTTTCC	3420
	CAACTTCTAT	CAAATTCAAT	TAACGTACCA	TCTTTATCAA	ATAATATCCA	TTCCATTGaT	3480
10	ATCAATACTC	CTATTTATTT	ATTTCTGATT	ATGCTGATTC	TATGATATTC	GTTATCCCCT	3540
	GAAAATGAAC	TCGTAGTATT	GTTCTATTTA	AATATTGaAT	TAAATATAAT	AATAAGTGAA	3600
	ATCCCCTTCA	ATACTTAACA	ATAAACATTG	TAAACTTAAT	TTATTACCAT	GCTTCGCTTC	3660
15	ATTGAAAGGG	ATTTTAGTCA	TGATTAACTT	TTGCATATTG	TTTTCATGAT	TATATTCAAT	3720
	TTTTATTAAT	ATTTTGGTAC	AACGACTCTC	CAACCATTTT	TATCTTCTAA	AGTACCATTT	3780
	TGAATACCAG	TATAGACGTC	GTATAATTTT	TGAGTAATTT	CACCAGTCTC	ATTATTATTA	3840
20	ATAACGATTT	CACGATCTTC	GTATCTCAAT	GTACCCACAG	GTGAAATAAC	TGCTGCAGTA	3900
	CCACTACCAA	ATACTTCTGT	TAACTCACCT	TTATCATATG	ATTCGAATAA	TTCATCGATT	3960
	GAAACGCGGC	GCTCTTCGAC	TTCATATCCT	AAGTTTTTAG	CTAATTCGAT	AATAGATTTA	4020
25	CGTGTAAATAC	CAGGTAAAT	ACTGCCATTG	AACTCTGGTG	TAATTACTTT	GCCATTTTCA	4080
	ACGAAGAAAA	TGTTTCATGCT	ACCAACTTCT	TCGATATATT	TCTGTTCAAC	ACCATCAAGC	4140
30	CATAATACTT	GGTCATAACC	TAATTTATTT	GCATTAGTTT	GTGCTAATAA	ACTTGcCGCA	4200
	TAGTTACCTG	CAACTTTTGC	AAAGCCTACA	CCGCCACGaA	CAGCACGCAC	ATATTCATCT	4260
	TCTACATAGA	TTTTAGTTGG	TTTTAAAGTT	TCACCACCAT	AATATGCACC	TGAAGGAGAT	4320
35	AAAATAATTA	ATAATTTATA	CTGATGTGAT	GCACCAACGC	CAAGTGCCCC	TTCTGTTGCA	4380
	AAAACAAATG	GACGAATATA	TAATGATTGA	CCTTCCCCTT	CAGGAATCCA	ATCTCTTTCA	4440
	ATATCAACTA	ATTGTTTTAG	CCCCTCTAAC	AATTCTGCTT	CGTCTACTTG	AGGCATTTCT	4500
40	AATCGTGCTA	ACGAGTTATT	AAGACGCTTA	AAATTTTCTT	CAGGACGGAA	AAGTGCAACT	4560
	TCCCCATCTC	TTTTATATGC	TTTTAATCCT	TCGAATACCG	ATTGACCATA	ATGAACACCT	4620
	TGTGCAGCAG	GTGAAATTTT	AATAGGACCA	TAAGGTACTA	TCTTCAAATC	ATGCCATCCT	4680
45	TTATCTGCAT	CATAATCATA	ACTCAACATA	TAATCAGTAA	AATATTTACC	AAAACCTAGT	4740
	TGAGATGTAT	TTGGTTTTTG	TTTTAATGTT	TCTCGTCGTT	CAACTTTAAC	TGCTTGTGAC	4800
50	ATGGTGATTG	CCTCCTAATA	ATATTGTATA	AGAATTTGTT	TAACTTAAAT	TATAACAATC	4860
	CaTATTTTGC	TGTTCAACAA	ATTTTCTAAA	AATTCAAAAT	TAATTAACAG	ATTTCTAGAA	4920
	AGACTATATC	TTTTAGTATA	AACGTATTAA	TTTCACAGAG	ACAAGTAATC	TGTGTTTTTAC	4980

55

	CTATTGGCGT AGGTAAATCT TCACTTGCAC ACAAATTAAG TCAAACCTTTA GATTTTTATG	1500
	AAGAAAAAGA AATCATCACA GAAAATCCAT TTTTATCAGA CTTTTATGAA GATATCTCTA	1560
5	AATGGAGTTT TCAAAC TGAA ATGTTCTTTT TATGCAATAG ATATAAGCAA TTTCAAGATG	1620
	TAACACAACCT AAATCAAGGT GTAGTTAGTG ATTATCATAT ACATAAAAAAT AAGATATTTG	1680
10	CTAAAAATAC TTTGAGTTCT GTTGAATTTT AGAAATTCAG TAAAATTTAT GATATTTTAA	1740
	CTGAAGATAT GATTATGCCG AATATGATTA TCTTTTTAGA TGCAGACCTT GATGTGTTAA	1800
	AATCTAGAAT TGCTAAACGT AACCGTAGTT TTGAGCATCA AATAGAAgTG AtAcTGTAag	1860
15	TTAAAAAAG ATTATCGTGA GTATTATGAG TCCTTACAAA GTAATGGTTC AAATGTAGTT	1920
	TTAATCGATA CnACTTCTAT TGATTTTCTT AAAAATGAAC AAGATTACGA AGATATATTA	1980
	CATATTATAT TACCTATGAT AGGAGATATT ACCAATGAAT AATTACGGTA TTCCACAAAA	2040
20	TGCCATTATA ACCATTGCAG GTACAGTTGG TGTTGGAAAA TCAACACTAA sGCAAGCACT	2100
	TGCAGATAAA TTAAACCTTTA AAACGTCTTT TGAAAATGTC GAACATAATC CATATTTAGA	2160
	TAAATTTTAC AGCGATTTTG AACGATGGAG TTTCCATTTG CAAATTTACT TCTTAGCTGA	2220
25	ACGTTTTTAA GAACAAAAGC GTATGTTTGA ATATGGTGGT GGCTTTGTCC AAGATCGATC	2280
	AATTTATGAA GATGTTGATA TTTTGTCAA AATGCATGAA GAAGAAGGCA CAATGAGTAA	2340
30	AGAAGATTTT AAAACATATT CAGACTTATT TAATGCCATG GTCATGACAC CTTATTTTCC	2400
	TAAACCTGAT GTAATGATTT ATTTAgAATG TAACTATGAT GAGGTCATTG ATCGTATTAT	2460
	TGAACGTGGT CGCGAAATGG AAATTAATAC AGACCCTGAA TACTGGAAAA AGCTATTTAA	2520
35	ACGCTATGAC GATTGGATTA ATAGCTTTAA TGCATGTCCA GTTGTACGTA TCAATATTAA	2580
	TGAATATGAT ATCCATAAGG ACCCCGAATC TTAAATCCT ATGATAAACA AAATTGCTCG	2640
	AATTATTCAA ACATATCGAC AAGTAGATAC ACGATAAAAG ACTAAAGACA TAGCGTATAT	2700
40	GTTTATATTC AATGTATATT CCATAGATAT TATCGATTAT TTTATCAATT CTATCGAATA	2760
	CATTAATTCA CATATACACT ATGTCTTCT TTTTAATTTA AAGCTTCTAA AATATCTGCC	2820
	GCACTATTTA AAATAATATC AGCTTCATGT AATTCTTCTT TTGTTGCAAT ACCTGTTAAT	2880
45	ACACCTATTG CCATACCTAA ATTTGCATTA CTTGCTGTCT TCATATCATT AGCAGTGTCT	2940
	CCTACTATAG CTACTTTCTG AGGATCTACA TTATATTGCT CAAATAAAGG CGATAATACT	3000
50	TTAGGATTTG GCTTCTCATA GGCATCCGCT TCGGTAGAAA TGATCAAATC GAACAACGAG	3060
	GTAGCATTGG TATGTGCTAA AAATTGTTCT ACACCTTTTT TAGTATCACT CGTAACAATA	3120
	CCAAGTTGAT AGCCTTTTGC TTTCAAATCG ATAAGTGCTT CTTTAACACC TTCTACCCAA	3180

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 233:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6444 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 233:

5	5	60
	10	
	15	120
	20	180
	25	240
	30	300
	35	360
	40	420
	45	480
	50	540
	55	600
	60	660
	65	720
	70	780
	75	840
	80	900
	85	960
	90	1020
	95	1080
	100	1140
	105	1200
	110	1260
	115	1320
	120	1380

ATCTATAGCT GCATATTGAA CAACATCCTC GATATGCGAT AAATCACGTT TTTGTGTATG 3060  
 ATGAATATAA TCTAGCAATA ATTGTGTGCGC TTGATACaTT AATTTATGTT CAGTTTGATT 3120  
 5 CAACTATAG ATTtCTGATG ATAACGTTTC CCTGACTGT 3159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 232:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1238 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 232:

TAAGCGAGAA GCAATTGGTG TTATGTATGC TAGTGATAAA CCAACAGGTG AAAGTACAAG 60  
 20 GTCATTGCT GTTTATTTCT CTCCTGAAAT TAAGAAATTT ATTGCAGATA ATTTAGATAA 120  
 ATAAATCATC CATCCATACA TTGATAAATG ATTTTyAGAA ATTAACAACA AAATCAACAA 180  
 TTTTAAACAT CTCTGTGATT CTATTTATTC GAAATGATTT AAAAAATAAA ACTTCAAAAA 240  
 25 CCTAACCTTA TATTTATACG AATACTTAGA GGAGCACAAA AATGAATAAA AATATAATCA 300  
 TCAAAAGTAT TGCAGCATTG ACGATTTTAA CATCAGTGAC TGGCGTCGGC ACAACAGTGG 360  
 TTGAGGGTAT TCAACAAACG GCTAAAGCTG AACATAATGT GAAACTAATC AAAAATACTA 420  
 30 ATGTAGCACC ATACAATGGT GTCGTTTCGA TAGGATCTGG AACAGGTTTC ATTGTCGGTA 480  
 AAAATACAAT TGTTACCAAC AAGCATGTCTG TTGCAGGTAT GGAAATTGGT GCACATATTA 540  
 TAGCGCATCC CAATGGTGAA TATAATAATG GCGGATTTTA TAAAGTTAAA AAAATTGTCC 600  
 35 GTTATTCAGG TCAAGAAGAT ATTGCCATTC TACATGTGGA AGATAAAGCT GTTCATCCAA 660  
 AAAACAGGAA TTTTAAAGAT TACACAGGCA TTTTAAAAAT AGCATCAGAA GCTAAAGAAA 720  
 40 ATGAACGCAT TTCAATTGTT GGCTATCCAG AACCATATAT AAATAAATTT CAAATGTATG 780  
 AGTCAACAGG AAAAGTGCTG TCAGTTAAAG GCAACATGAT TATTACTGAT GCTTTCGTAG 840  
 AACCAGGCAA CTCAGGTTCA GCTGTATTTA ACAGTAAATA CGAaGTtGTA GGTGTTCACT 900  
 45 TTGGTGAAA CGGCCCTGGA AATAAAAGTA CAAAAGGATA TGGTGTTTAT TTCTCTCCTG 960  
 AAATTAAGAA ATTCATTGCA GATAACACAG ATAAATAAAT CCTTACATAG ATAAATGATT 1020  
 TTAAAAATTA ACAACAAACT CAACaATTCA AATCATCTCT GTGATTCCAT TTATTGAAA 1080  
 50 TGATTAAAAA AAATAAAACT TCAAAAAGCT AACATTATAA TTATACAAAT ACTTAGAGGA 1140  
 GCAGAAAAAT GaATAAAAT ATAATCATCA AAAGTATTGC AGCATTGGAC GATTTTTAAC 1200



TTGTAGTTCA ATCTCGCTTT TTTGATCATT TTCAAACAAA TCAAATGATG CyTGTTCAAA 1260  
 GTCTTTTTGA GATAAAGTAT CaGTTGTTTC TTCaACACTT aAGTTTAAAT TTTCTTGATT 1320  
 5 AATTTCCAGG TTCATTTTCG ACCATTTTTA AATTTGATAT CGATGATtTT TCACCAGCAG 1380  
 ACGCTTCAAA CTCGCTTAGA ATCACTTGTG CTCTGCTAAT AACTTTTTTCA GGTAAATCAG 1440  
 CTAATTTTCG AACTTGAATA CCATAAAtATC GTCAACTGCA CCATCTTTGA CTTTATGCAA 1500  
 10 GAATATAAGT TCACCTTTAT ATTCAATTAGC AGCGACGTGA ACATTTTTTTA GACTTGGTAA 1560  
 TGCTTGATCT AATGTTGTCA ATTCATGATA ATGTGTTGAA AATAACGTTT TAGCATGTGA 1620  
 15 TGTTCAGCT ACATACTCTA TCATTGCCTG CGCTAAAGCT AAACCGTCAT ACGTTGAAGT 1680  
 ACCACGTCCA ATTCATCGA AAATAATCAA ACTATCCTCT GTTGCATAAG TTAATGCCTT 1740  
 TTGTGCTTCT AGCATTTCTA CCATAAACGT ACTCTTACCT GAAACCAAAT CATCTGCCGC 1800  
 20 ACCTATTCTA GTGAATATTT GATCAAATAT AGGTAACACT GCCTCTTTAC AAGGGACATA 1860  
 AGCTCCCAT TGGGCCATTA TACTAATTAT GGCAACTTGT CTCATATATG TCGATTTACC 1920  
 AGACATATTC GGACCTGTAA TTAAATATAT AAATGTTTCA TTATCTAATC GACAATTATT 1980  
 25 AGGCACATAG TCATTATAAT CCATTACTCT TTCCACTACT GGGTGCCTAG ATTCCACTAA 2040  
 TTCTAATGTT TTATTTTCAC TAAATGAAGG CCTAGTGTA TATATTTTTT GAGCAATTTT 2100  
 TGCAAAGCTC TGTAACAAT CTAGCTCTGA AATAATTTTA GCTTGTGTGTT GTAAACGTTT 2160  
 30 AGTATATTTT TTAACCTCTT CACGTAGCTG AACAAATAAT TGATATTCTA ATTCGATGGC 2220  
 TTTGTCTTCC GCACCTAAAA TGATATCTTC TTTTCTTTA AGTTCATCAG TTATAAAACG 2280  
 35 TTCAGCATTC GATAACGTTT GCTTCCTCAT ATAACCAAAT TCACTTGGTT CAAAATTTTG 2340  
 CAAGTTGGCA CGTGTTATTT CTATAAAATA ACCAAACACT TTATTAAAGC TTATTTTCAA 2400  
 TGATTTTATT CCTGTACGTT GTCTTTCTTT GGCTTGTAAT TCTGCTAACC ATGTTTTTCC 2460  
 40 GTTTTTTGAA GCTTCAAGAT ATTCATCTAA TTGCGTATTA AAACCAACTT TGAATAGTCC 2520  
 GCCATCTTTA ACTGAAATTG GTGGTTCTTC TACTAAACTC TGTCTAATA TATCAAGTAA 2580  
 ATCATCaAGG GGTTCTAGTT GATTAACTTG TACAAGAGTA TTCTGATTCA TAGAATTTAG 2640  
 45 TAATGCTTTA ATATTCGGTA TTTCAGAAAT GGAATGTTTA AGTTGAATTA AATCTCTCGC 2700  
 ATTAACATTT CCGTAACTAA CACGCCCAAC AAGACGTTCA ATATCATACA CTTGATTAA 2760  
 ATATGTTCTT AAGGTGTCTC TTTCTATGAA ATGAGCACTA AATTCATCAA CGATATCTAA 2820  
 50 TCGTGCTTCA ATTTGTTCTT TACTTATTAG TGGTCTATCT ATCCATTGTT TTAAGCGGCG 2880  
 TGCTCCCAT GGTGTTTTCG TTTCGTCCAT TAGCCAAAGT AGCGTTCCTT TTTTGTATTT 2940

55

CTTGGTTTGA TTTTAGGCAA GGTAATGGTT AATAACCCAT TTTCAAAACT AGCAGTAATA 1920  
 TGTGCTTAT CAACAGCTTC AAAATCAAAT TGACGCATTA ATGATTCGAA GTTACGCTCA 1980  
 5 TCTAAAATGA GTTGTTCAGA TTTGTATTTT GCGCTTCTAG TAGCTTGAAT AGTGAGCGWA 2040  
 TTAttATTGA AATCgATACT AATAtCTccC TG 2072

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 231:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 231:

20 CGTCTTCTCT TGGTTATTCT CTGTGTTTTG TCTTTGTTCA AATTGCATTT TTTGTTGTTT 60  
 GAATGAATGT AATACTTTAT TTTTTTTTGG CACATAATCC AAGTnATTTT TAGGAATTAA 120  
 TATACGGTCT TTAATGCTT CTGTATTTT GCTCACAATC AATTGGTATA GTTGCTCTTC 180  
 25 TTTTGATAAA CGCACTTCTA GTTTTGTGTTG ATGAACATTT ACGTCTACTA AGATTGGATC 240  
 CATTTCAATA TTAATATAAC AAATCGGGAA CCTACCTATT GTTAAGAGTG TATGATAGCC 300  
 TTCTAAAATC GCTTTATTTA GCATAAAGTT TTTAATGTAT CGTCCATTAA TAAAAATAGA 360  
 30 AATATAGTGC TTATTACTTC TAGAATGTTC AGGCTTTGCA ACAAACCTT CAATGTGATA 420  
 ATCACTTGTA TCTCCAGATA TATGTACTAA ATCTCGTGCA ACTTTCATCC CATAAATCTC 480  
 35 TGCCATCACT TCATTAGTTC GTCCTGAACC ATTTGTACTT AACATTGTTT TGCCATCTGA 540  
 AATGAGTGCT ATTCGAATGT CCGGATGGCT CATTGCCATT CTGTTGACAA TATCTGTTAT 600  
 TTTACCTAGT TCAGTGTATA AACTTTTAAT ATATTTTAAA CGTGCTGGTG TATTATAAAA 660  
 40 TAATGATTCT ACAAGTATAT CTGTTCCCTT TTTTCGCTTTT GCAGGCTTAT GATTTAATAT 720  
 TTCACCATTT TCTACATATA TTTCATTTCC ATTAGCATT TCCGTGCAAG TCTTCAATGT 780  
 TACTTTAGCA ACTGATGAAA TACTGGCTAG TGCTTCACCA CGGAATCCTA ATGTCCTAAT 840  
 45 ATGAAATAAA TCTTCATCTT GATCTAATTT ACTAGTCGCA TGTCTATGAA ATACTAATCC 900  
 TAAGTCTTCC GCTTCAATTC CGCTTCCATT ATCGACTACG CGAATAGATT GGACGCCAGA 960  
 tTCCTCTACT TCAATGCTTA TTTCTGTAGC GCCTGCATCT ATAGCATTTT CCAACAGTTC 1020  
 50 TTTCAACA GAACCTCGGTC TTTCAACTAC TTCACCTGCT GCGATTTTAT TTGCTAATGA 1080  
 GGTGTTGGAGT TCTTTAATTT TCCCCATTTT GCAACACCTC TATTTTAATT GATTTTGTAA 1140